WELTORGANISATION FUR GEISTIGES EIGEN

Internationales Büro INTERNATIONALL MELDUNG VERÖFFENTLICHT NACK

ÆM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6:

C12N 15/54, 9/12, 15/11, 15/85, C12Q 1/68, A01K 67/027

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:

8. Juli 1999 (08.07.99).

WO 99/33998

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/EP98/08216

(22) Internationales Anmeldedatum:

22. Dezember 1998

(22.12.98)

A2

(30) Prioritätsdaten:

197 57 984.1

24. Dezember 1997 (24.12.97)

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BAYER AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-51368 Leverkusen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HAGEN, Gustav [DE/DE]; Bertha-von-Suttner-Strasse 31, D-51373 Leverkusen (DE). WICK, Maresa [DE/DE]; Andreas-Gryphius-Strasse 26, D-51065 Köln (DE). ZUBOV, Dmitry [RU/DE]; Roggendorfstrasse 59, D-51061 Köln (DE).

(74) Gemeinsamer Vertreter:

BAYER

AKTIENGE-

SEIL STHAFT; D-51368 Leverkusen (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

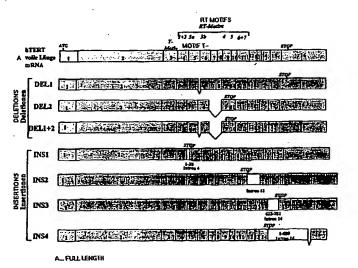
Veröffentlicht

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: R2

ULATORY DNA SEQUENCES OF THE HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT GENE, DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC USE THEREOF

(54) Bezeichnung REGULATORISCHE DNA-SEQUENZEN DES GENS DER HUMANEN KATALYTISCHEN TELOM-ERASE-UNTEREINHEIT UND DEREN DIAGNOSTISCHE UND THERAPEUTISCHE VERWENDUNG



(57) Abstract

The present invention relates to regulatory DNA sequences containing promotor sequences, in addition to intervening sequences, for the human catalytic telomerase sub-unit gene. The invention also relates to the use of said DNA sequences for pharmaceutical, diagnostic and therapeutic purposes, especially in the treatment of cancer and ageing.

(57) Zusammenfassung

Diese Erfindung betrifft regulatorische DNA-Sequenzen, beinhaltend Promotorsequenzen, sowie Intronsequenzen, für das Gen der humanen kalytischen Telomerase-Untereinheit. Darüber hinaus betrifft diese Erfindung die Verwendung dieser DNA-Sequenzen für pharmazeutische, diagnostische und therapeutische Zwecke, vor allem in der Behandlung von Krebs und Alterung.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

| AL ' | Albanien | ES | Spanien | LS | Lesotho | SI | Slowenien |
|------|---------------|----|------------------------|----|-----------|----|-----------|
| AM | Armenien | FI | Finnland . | LT | Litauen | SK | Slowakei |
| AT | Österreich | FR | Frankreich | LU | Luxemburg | SN | Senegal |
| ΑU | Australien | GA | Gabun | LV | Lettland | SZ | Swasiland |
| ΑZ | Aserbaidschan | GB | Vereinigtes Königreich | MC | Monaco | TD | Tschad |

Regulatorische DNA-Sequenzen des Gens der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und deren diagnostische und therapeutische Verwendung

5 Aufbau und Funktion der Chromosomenenden

Das genetische Material eukaryontischer Zellen ist auf linearen Chromosomen verteilt. Die Enden der Erbanlagen werden, abgeleitet von den griechischen Wörtern telos (Ende) und meros (Teil, Segment), als Telomere bezeichnet. Die meisten Telomere bestehen aus Wiederholungen von kurzen Sequenzen, die überwiegend aus Thymin und Guanin aufgebaut sind (Zakian, 1995). In allen bislang untersuchten Wirbeltieren werden die Telomere aus der Sequenz TTAGGG aufgebaut (Meyne et al., 1989).

Die Telomere üben verschiedene wichtige Funktionen aus. Sie verhindern die Fusion von Chromosomen (McClintock, 1941) und damit die Entstehung von dizentrischen Erbanlagen. Solche Chromosomen mit zwei Centromeren können durch Verlust der Heterozygotie bzw. Verdopplung oder Verlust von Genen zur Entwicklung von Krebs führen.

20

10

Desweiteren dienen Telomere dazu, intakte Erbanlagen von beschädigten zu unterscheiden. So stellten Hefezellen ihre Zellteilung ein, wenn sie ein Chromosom ohne Telomer enthielten (Sandell und Zakian, 1993).

Eine weitere wichtige Aufgabe erfüllen Telomere bei der DNA-Replikation eukaryontischer Zellen. Im Gegensatz zu den zirkulären Genomen von Prokaryonten können die linearen Chromosomen der Eukaryonten von dem DNA Polymerase-Komplex nicht vollständig repliziert werden. Zur Initiation der DNA-Replikation sind RNA-Primer notwendig. Nach Abspaltung der RNA-Primer, Verlängerung der

werden. Ohne besondere Schutzmechanismen würden daher die Chromosomen mit jeder Zellteilung schrumpfen ("end-replication problem"; Harley et al., 1990). Die nicht-kodierenden Telomersequenzen stellen vermutlich eine Pufferzone dar, um dem Verlust von Genen vorzubeugen (Sandell und Zakian, 1993).

5

10

Darüberhinaus spielen Telomere auch eine wichtige Rolle bei der Regulation der zellulären Alterung (Olovnikov, 1973). Humane somatische Zellen zeigen in Kultur eine limitierte Replikationskapazität; sie werden nach einer gewissen Zeit seneszent. In diesem Zustand teilen sich die Zellen selbst nach Stimulierung mit Wachstumsfaktoren nicht mehr, sterben aber nicht, sondern bleiben metabolisch aktiv (Goldstein, 1990). Verschiedene Beobachtungen sprechen für die Hypothese, daß eine Zelle anhand der Länge ihrer Telomere bestimmt, wie oft sie sich noch teilen kann (Allsopp et al., 1992).

15

Zusammenfassend besitzen die Telomere somit zentrale Funktionen bei der Alterung von Zellen sowie der Stabilisierung des genetischen Materials und Verhinderung von Krebs.

Das Enzym Telomerase synthetisiert die Telomere

20

25

Wie oben beschrieben können Organismen mit linearen Chromosomen ohne einen speziellen Schutzmechanismus ihr Genom nur unvollständig replizieren. Die meisten Eukaryonten verwenden zur Regeneration der Telomersequenzen ein spezielles Enzym, die Telomerase. In den bislang untersuchten Einzellern wird Telomerase konstitutiv exprimiert. Dagegen wurde in Menschen die Telomerase-Aktivität nur in Keimzellen und Tumorzellen gemessen, wogegen benachbartes somatisches Gewebe keine Telomerase enthielt (Kim et al., 1994).

Funktionell kann die Telomerase auch als terminale Telomertransferase bezeichnet

10

15

20

wurde kürzlich die katalytische Untereinheit dieser Enzymgruppe in verschiedenen Organismen identifiziert (Lingner et al., 1997; vgl. unsere ebenfalls anhängige Anmeldung PCT EP/98/03468). Diese katalytischen Untereinheiten der Telomerase sind sowohl untereinander als auch zu bisher allen bekannten reversen Transkriptasen auffällig homolog.

Auch in WO 98/14592 werden Nukleinsäure- und Aminosäuresequenzen der katalytischen Telomerase-Untereinheit beschrieben.

Aktivierung der Telomerase in menschlichen Tumoren

Eine Aktivität der Telomerase konnte in Menschen ursprünglich nur in Keimbahnzellen, nicht aber in normalen somatischen Zellen (Hastie *et al.*, 1990; Kim *et al.*, 1994) nachgewiesen werden. Nach der Entwicklung eines sensitiveren Nachweisverfahrens (Kim *et al.*, 1994) wurde auch in hematopoietischen Zellen eine geringe Telomeraseaktivität detektiert (Broccoli *et al.*, 1995; Counter *et al.*, 1995; Hiyama *et al.*, 1995). Allerdings wiesen diese Zellen trotzdem eine Reduktion der Telomere auf (Vaziri *et al.*, 1994; Counter *et al.*, 1995). Noch ist nicht geklärt, ob die Menge an Enzym in diesen Zellen nicht ausreichend für eine Kompensation des Telomerverlustes ist, oder ob die gemessene Telomerase-Aktivität von einer Subpopulation, z.B. unvollständig ausdifferenzierten CD34⁺38⁺-Vorläuferzellen, herrührt (Hiyama *et al.*, 1995). Zur Klärung wäre ein Nachweis der Telomerase-Aktivität in einer einzelnen Zelle nötig.

Interessanterweise wurde jedoch in einer großen Zahl der bislang getesteten Tumor-

10

15

20

25

30

che Befunde aus Untersuchungen an Mäusen (Blasco et al., 1996) stützen die Annahme, daß eine Reaktivierung der Telomerase ein spätes Ereignis in der Tumorgenese ist.

Basierend auf diesen Ergebnissen wurde eine "Telomerase-Hypothese" entwickelt, die den Verlust von Telomersequenzen und Zellalterung mit der Aktivität von Telomerase und der Entstehung von Krebs verbindet. In langlebigen Spezies wie dem Menschen kann das Schrumpfen der Telomere als ein Mechanismus zur Tumorsuppression angesehen werden. Ausdifferenzierte Zellen, die keine Telomerase enthalten, stellen bei einer bestimmten Länge der Telomere ihre Zellteilung ein. Mutiert eine solche Zelle, so kann aus ihr nur dann ein Tumor entstehen, wenn die Zelle ihre Telomere verlängern kann. Ansonsten wurde die Zelle weiterhin Telomersequenzen verlieren, bis ihre Chromosomen instabil werden und sie schließlich zugrunde geht. Die Reaktivierung der Telomerase ist vermutlich der Hauptmechanismus von Tumorzellen zur Stabilisation ihrer Telomere.

Aus diesen Beobachtungen und Überlegungen ergibt sich, daß eine Inhibition der Telomerase eine Therapie von Tumoren erlauben sollte. Konventionelle Krebstherapien mit Zytostatika oder kurzwelligen Strahlen schädigen nicht nur die Tumorzellen, sondern alle sich teilenden Zellen des Körpers. Da aber außer Tumorzellen nur Keimbahnzellen eine signifikante Telomerase-Aktivität enthalten, würden Telomerase-Inhibitoren spezifischer die Tumorzellen angreifen und somit weniger unerwünschte Nebenwirkungen hervorrufen. In allen bislang getesteten Tumorgeweben wurde eine Telomerase-Aktivität nachgewiesen, so daß diese Therapeutika gegen alle Krebsarten eingesetzt werden könnten. Die Wirkung von Telomerase-Inhibitoren würde dann eintreten, wenn die Telomere der Zellen sich soweit verkürzt haben, daß das Genom instabil wird. Da Tumorzellen meist kürzere Telomere aufweisen als normale somatische Zellen, würden zuerst Krebszellen durch Telomerase-Inhibitoren eliminiert werden. Zellen mit langen Telomeren, wie die Keimzellen, würden dagegen erst viel später geschädigt werden. Telomerase-Inhibitoren stellen somit einen zukunftsweisenden Weg für die Therapierung von Krebs dar.

Eindeutige Antworten auf die Frage nach der Art und den Angriffspunkten physiologischer Telomerase-Inhibitoren werden möglich sein, wenn auch die Regulation der Genexpression der Telomerase identifiziert ist.

Regulation der Genexpression in Eukaryonten

Die eukaryotische Genexpression, d.h. der zelluläre Informationsfluß von der DNA über die RNA zum Protein, weist vielfältige Ansatzpunkte für regulatorische Mechanismen auf. Einzelne Kontrollstufen sind z.B. die Gen-Amplifikation, Rekombination von Genloci, Chromatinstruktur, DNA-Methylierung, Transkription, posttranskriptionelle mRNA-Modifikationen, mRNA-Transport, Translation und post-translationale Proteinmodifikationen. Nach bisherigen Studien besitzt die Kontrolle auf der Ebene der Transkriptionsinitiation die größte Bedeutung (Latchman, 1991).

15

20

5

10

Unmittelbar stromaufwärts vom Transkriptionsstart eines von der RNA-Polymerase II transkribierten Gens liegt eine Region, die für die Steuerung der Transkription verantwortlich ist und als Promotorregion bezeichnet wird. Ein Vergleich der Nukleotidsequenzen von Promotorregionen vieler bekannter Gene zeigt, daß bestimmte Sequenzmotive in dieser Region häufig vorkommen. Zu diesen Elementen gehören unter anderem die TATA-Box, die CCAAT-Box und die GC-Box, die von spezifischen Proteinen erkannt werden. Die TATA-Box, die etwa 30 Nukleotide stromaufwärts vom Transkriptionsstart entfernt positioniert ist, wird z.B. von der TFIID-Untereinheit TBP ("TATA-box binding protein") erkannt, wogegen bestimmte GC-reiche Sequenzabschnitte vom Transkriptionsfaktor Sp1 ("specificity protein1") spezifisch gebunden werden.

25

30

Funktionell kann man den Promotor in einen regulativen und einen konstitutiven Abschnitt unterteilen (Latchman, 1991). Der konstitutive Kontrollbereich umfaßt den sogenannten Kernpromotor ("corepromoter"), der die korrekte Initiation der Transkription ermöglicht. Er enthält die als UPE's (upstream promoter elements") be-

. }

schriebenen Sequenzelemente, die für eine effiziente Transkription notwendig sind. Die regulativen Kontrollabschnitte, die mit den UPE's verflochten sein können, weisen Sequenzelemente auf, die an der signalabhängigen Regulation der Transkription durch Hormone, Wachstumsfaktoren usw. beteiligt sein können. Sie vermitteln gewebs- oder zellspezifische Promotoreigenschaften.

Ein charakteristisches Merkmal eukaryotischer Gene sind DNA-Abschnitte, die über vergleichsweise große Distanzen hinweg Einfluß auf die Genexpression nehmen können. Diese Elemente können stromaufwärts, stromabwärts oder innerhalb einer Transkriptionseinheit lokalisiert sein und unabhängig von ihrer Orientierung ihre Funktion wahrnehmen. Diese Sequenzabschnitte können die Promotoraktivität verstärken (Enhancer) oder abschwächen (Silencer). Ähnlich wie die Promotorregionen beherbergen auch Enhancer und Silencer mehrere Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren.

15

10

5

Die Erfindung betrifft die DNA-Sequenzen aus der 5'-flankierenden Region des Gens der katalytisch aktiven humanen Telomerase-Untereinheit sowie Intron-Sequenzen für dieses Gen.

Die Erfindung betrifft insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz, enthaltend die Promotor-DNA-Sequenz für das Gen der humanen

10

20

30

Die Erfindung betrifft weiterhin ein rekombinantes Konstrukt, das die erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierende DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereiche davon beinhaltet.

Bevorzugt sind rekombinante Konstrukte, die neben den erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere der 5'-flankierenden DNA-Sequenz des Gens der humanen katalytischen Telomerase Untereinheit oder Teilbereichen davon, eine oder mehrere weitere DNA-Sequenzen, die für Polypeptide oder Proteine kodieren, enthalten.

Gemäß einer besonders bevorzugten Ausführungsform kodieren diese weiteren DNA-Sequenzen für antitumorale Proteine.

Besonders bevorzugte antitumorale Proteine sind solche, die die Angiogenese direkt oder indirekt inhibieren. Zu diesen Proteinen zählen beispielsweise:

Plasminogenaktivatorinhibitor (PAI-1), PAI-2, PAI-3, Angiostatin, Endostatin, Platelet factor 4, TIMP-1, TIMP-2, TIMP-3, Leukemia Inhibitory Factor (LIF).

Ebenfalls besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche direkt oder indirekt eine zytostatische Wirkung auf Tumoren aufweisen. Hierzu zählen im besonderen:

Perforin, Granzym, IL-2, IL-4, IL-12, Interferone, wie beispielsweise IFN-α, IFN-β, IFN-γ, TNF, TNF-α, TNF-β, Oncostatin M; Tumorsuppressorgene, wie z.B. p53, Retinoblastoma.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche gegebenenfalls zusätzlich zur antitumoralen Wirkung Entzündungen stimulieren und hierdurch zur Elimination von Tumorzellen beitragen. Hierzu zählen beispielsweise:

5...

10

15

30

RANTES, Monocyte chemotactic and activating factor (MCAF), IL-8, Macrophage inflammatory protein (MIP-1α,-β), Neutrophil activating protein-2 (NAP-2), IL-3, IL-5, human leukemia inhibitory factor (LIF), IL-7, IL-11, IL-13, GM-CSF, G-CSF, M-CSF.

Weiterhin besonders bevorzugt sind antitumorale Proteine, welche aufgrund ihrer Wirkung als Enzyme in der Lage sind, Vorstufen eines antitumoralen Wirkstoffes in einen antitumoralen Wirkstoff zu überführen. Zu diesen Enzymen zählen beispielsweise:

Herpes Simplex Virus Thymidinkinase, Varizella Zoster Virus Thymidinkinase, bakterielle Nitroreductase, bakterielle β- Glukuronidase, pflanzliche β-Glukuronidase aus Secale careale, humane Glukuronidase, humane Carboxypeptidase, bakterielle Carboxypeptidase, bakterielle β-Lactamase, bakterielle Cytosindeaminidase, humane Katalase bzw. Phosphatase, humane alkalische Phosphatase, Typ 5 saure Phosphatase, humane Lysooxidase, humane saure D-Aminooxidase, humane Glutathion Peroxidase, humane Eosinophilen Peroxidase, humane Schilddrüsen Peroxidase.

- Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für Faktor VIII, IX oder Teilfragmente davon kodieren. Zu diesen DNA-Sequenzen zählen auch andere Blutgerinnungsfaktoren
- Die obengenannten rekombinanten Konstrukte können auch DNA-Sequenzen enthalten, die für ein Reporterprotein kodieren. Zu diesen Reporterproteinen zählen beispielsweise:

Chloramphenicolacetyltransferase (CAT), Glühwürmchen Luziferase (LUC), ß-Galaktosidase (ß-Gal), Sezernierte alkalische Phosphatase (SEAP), Humanes Wachstumshormon (hGH), ß-Glukuronidase (GUS), Grün-fluoreszierendes Protein (GFP) und alle davon abgeleiteten Varianten, Aquarin, Obelin.

10

15

20

25

Erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte können auch DNA kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit und deren Varianten und Fragmente in antisense Orientierung enthalten. Gegebenenfalls können diese Konstrukte auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente in antisense Orientierung enthalten.

Die rekombinanten Konstrukte können neben der DNA, kodierend für die humane katalytische Telomerase Untereinheit, sowie deren Varianten und Fragmente auch andere Protein-Untereinheiten der humanen Telomerase und die Telomerase-RNA-Komponente enthalten.

Die Erfindung betrifft weiterhin einen Vektor, enthaltend die oben genannten erfindungsgemäßen DNA-Sequenzen, insbesondere die 5'-flankierenden DNA-Sequenzen, sowie eine oder mehrere der oben genannten anderen DNA-Sequenzen.

Bevorzugter Vektor für solche Konstrukte ist ein Virus, beispielsweise ein Retrovirus, Adenovirus, adeno-assoziiertes Virus, Herpes Simplex Virus, Vaccina Virus, lentivirales Virus, Sindbis Virus und ein Semliki Forest Virus.

Ebenfalls bevorzugt sind Plasmide als Vektoren.

Die Erfindung betrifft weiterhin pharmazeutische Präparate, enthaltend erfindungsgemäße rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren; beispielsweise eine Zubereitung in einem kolloidalen Dispersionssystem.

Geeignete kolloidale Dispersionssysteme sind beispielsweise Liposome oder Polylysin-Liganden.

Die Zubereitungen der erfindungsgemäßen Konstrukte bzw. Vektoren in kolloidalen Dispersionssystemen können um einen Liganden ergänzt sein, der an Membranstruk-

turen von Tumorzellen bindet. Ein solcher Ligand kann z.B. an das Konstrukt bzw. den Vektor angeknüpft sein oder auch Bestandteil der Liposomenstruktur sein.

- Geeignete Liganden sind insbesondere polyklonale oder monoklonale Antikörper oder Antikörperfragmente hiervon, die mit ihren variablen Domänen an Membranstrukturen von Tumorzellen binden, oder endständige Mannose-tragende Substanzen, Zytokine, Wachstumsfaktoren oder Fragmente bzw. Teilsequenzen hiervon, die an Rezeptoren auf Tumorzellen binden.
- Entsprechende Membranstrukturen sind beispielsweise Rezeptoren für ein Zytokin oder einen Wachstumsfaktor, wie z.B. IL-1, EGF, PDGF, VEGF, TGF ß, Insulin oder Insulin-like Growth Factor (ILGF), oder Adhäsionsmoleküle, wie z. B. SLeX, LFA-1, MAC-1, LECAM-1 oder VLA-4, oder der Mannose-6-Phosphat-Rezeptor.
- Zur vorliegenden Erfindung gehören pharmazeutische Zubereitungen, die neben den erfindungsgemäßen Vektorkonstrukten auch nichttoxische, inerte, pharmazeutisch geeignete Trägerstoffe enthalten können. Vorstellbar sind die Applikation (z.B. intravenös, intraarteriell, intramuskulär, subkutan, intradermal, anal, vaginal, nasal, transdermal, intraperitonal, als Aerosol oder oral) am Ort eines Tumors oder die systemische Applikation dieser Zubereitungen.

Die erfindungsgemäßen Vektorkonstrukte können in der Gentherapie eingesetzt werden.

- Die Erfindung betrifft weiterhin eine rekombinante Wirtszelle, insbesondere eine rekombinante eukaryotische Wirtszelle, enthaltend die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren.
- Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit beeinflussen, wobei dieses Verfahren folgende Schritte umfaßt:

- A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend die erfindungsgemäße regulatorische DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,
- B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.
- Das Verfahren kann eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase Untereinheit verstärken.
- Das Verfahren kann weiterhin eingesetzt werden zur Identifizierung von Substanzen,
 die die Promotor-, Silencer- oder Enhanceraktivität der katalytischen Telomerase
 Untereinheit inhibieren.
 - Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an Fragmente der erfindungsgemäßen DNA-Fragmente, insbesondere der 5'-flankierenden regulatorischen DNA-Sequenz der katalytischen Telomerase Untereinheit, binden. Diese Methode beinhaltet ein Screening einer Expressions-cDNA-Bibliothek mit der vorstehend beschriebenen DNA-Sequenz oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde.
- Die vorstehend beschriebenen Konstrukte bzw. Vektoren können auch zur Herstellung transgener Tiere verwendet werden.
 - Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:

:5

25

30

- A. Inkubation eines Konstruktes bzw. Vektors, enthaltend die erfindungsgemäße DNA-Sequenz, insbesondere die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit oder einen regulatorisch wirksamen Teilbereich davon sowie ein Reportergen mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
- B. Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten;
- 10 C. Vergleich des diagnostischen Werts mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe;
- Detektion diagnostischer Werte, die höher oder niedriger als Standardvergleichswerte liegen, indiziert einen Telomerase-assoziierten Zustand, der wiederum einen pathogenen Zustand indiziert.

Erläuterung der Abbildungen:

Fig. 1: Southern Blot-Analyse mit genomischer DNA verschiedener Spezies

A: Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,7 %igen Agarosegels mit etwa 4 μg Eco RI geschnittener genomischer DNA. Die Spur 1 enthält Hind III geschnittene λ-DNA als Größenmarker (23,5, 9,4, 6,7, 4,4, 2,3, 2,0, und 0,6 kb). Die Spuren 2 bis 10 enthalten genomische DNA von Mensch, Rhesusaffe, Spraque Dawley Ratte, BALB/c Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe (Saccharomyces cerevisiae).

B: Zu Fig.1 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse, hybridisiert mit einer radioaktiv-markierten etwa 720 bp langen hTC-cDNA Sonde.

Fig. 2: Restriktionsanalyse der rekombinanten λ-DNA des Phagenklons P12, der mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTC-cDNA hybridisiert.

5

Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,4 %igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 2 enthalten Eco RI/Hind III geschnittene λ -DNA bzw eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 3 - 7 enhalten 250 ng mit Bam HI (Spur 3), Eco RI (Spur 4), Sal I (Spur 5), Xho I (Spur 6) und Sac I (Spur 7) geschnittene DNA des rekombinanten Phagens. Die Pfeile kennzeichnen die zwei λ -Arme des Vektors EMBL3 Sp6/T7.

10

Fig. 3: Restriktionsanalyse und Southern Blot-Analyse der rekombinanten λ-DNA des Phagenklons, der mit einer Sonde aus dem 5'-Bereich der hTCcDNA hybridisiert.

15

20

A: Die Abbildung zeigt ein Foto eines Ethidiumbromid gefärbten 0,8%igen Agarosegels. Die Spuren 1 und 15 enthalten eine 1 kb Leiter der Firma Gibco als Größenmarker. Die Spuren 2 bis 14 enthalten 250 ng geschnittene λ-DNA vom rekombinanten Phagenklon. Als Enzyme wurden eingesetzt: Spur 2: Sac I, Spur 3: Xho I, Spur 4: Xho I, Xba I, Spur 5: Sac I, Xho I, Spur 6: Sal I, Xho I, Xba I, Spur 7: Sac I, Xho I, Xba I, Spur 8: Sac I, Sal I, Xba I, Spur 9: Sac I, Sal I, BamH I, Spur 10: Sac I, Sal I, Xho I, Spur 11: Not I, Spur 12: Sma I, Spur 13: leer, Spur 14: nicht verdaut.

25

B: Zu Fig.3 A korrespondierendes Autoradiogramm einer Southern Blot-Analyse. Als Sonde für die Hybridisierung wurde ein etwa 420 bp langes 5'-hTC-cDNA Fragment eingesetzt. Fig. 4: Partielle DNA-Sequenz der 5'-flankierenden Region und des Promotors vom Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit. Das ATG-Startcodon ist in der Sequenz fett hervorgehoben. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 1.

5

Fig. 5: Identifizierung des Transkriptionsstarts durch Primer Extension-Analyse.

10

Die Abbildung zeigt ein Autoradiogramm eines denaturierenden Polyacrylamidgels, welches zur Darstellung einer Primer Extension-Analyse gewählt wurde. Als Primer wurde ein Oligonukleotid mit der Sequenz 5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3' benutzt. In der Spur 1 wurde die Primer Extension Reaktion aufgetragen. Die Spuren G, A, T, C, stellen die Sequenzreaktionen mit dem gleichen Primer und den entsprechenden Dideoxynukleotiden dar. Der fette Pfeil kennzeichnet den Haupt-Transkriptionsstart, die dünnen Pfeile weisen auf drei Neben-Transkriptionsstartpunkte hin.

15

Fig. 6: cDNA Sequenz der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit (hTC; vgl. unsere anhängige Anmeldung PCT/EP/98/03468). Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 2.

20

Fig. 7: Strukturelle Organisation und Restriktionsmappe des humanen hTC-Gens und dessen 5'- und 3'-flankierende Region.

25

Exons sind als durchnummerierte schwarz ausgefüllte Rechtecke und Introns als nicht ausgefüllte Bereiche hervorgehoben. Nichttranslatierte Sequenzabschnitte in den Exons sind schraffiert. Die Translation startet in Exon 1 und endet in Exon 16. Restriktionsenzymschnittstellen sind wie folgt gekennzeichnet: S, SacI; X, XhoI. Die relative Anordnung der fünf Phagenklone (P2, P3, P5, P12, P17) und des Produktes aus dem "Genomic walking" sind durch dünne Linien hervorgehoben. Wie durch

die Punkte gekennzeichnet, ist die Sequenz von Intron 16 nur teilweise entschlüsselt.

Fig. 8: HTL Splicevarianten.

5

10

A: Schematische Struktur der hTC mRNA Splicevarianten. Die vollständige hTC mRNA ist als grau unterlegtes Rechteck im oberen Bereich der Abb. dargestellt. Die 16 Exons sind entsprechend ihrer Größe dargestellt. Der Translationsstart (ATG) und das Stop-Codon, sowie das Telomerase-spezifische T-Motiv und die sieben RT-Motive sind hervorgehoben. Die hTC-Varianten sind in Deletions- und Insertionsvarianten unterteilt. In den Deletionen sind die fehlenden Exonsequenzen markiert. Die Insertionen sind durch zusätzliche weiße Rechtecke hervorgehoben. Größe und Herkunft der insertierten Sequenzen sind angegeben. Neu entstandene Stop-Codons sind markiert. Die Größe der Insertion von Variante INS2 ist unbekannt.

15

B: Exon Intron Übergänge der hTC-Splice-Varianten. Nichtgesplicte 5'und 3'-flankierte Sequenzen sind als weiße Rechtecke hervorgehoben.
Die Herkunft der Exon und Intron Sequenzen ist angegeben. Intron und
Exon Sequenzen sind in Kleinbuchstaben, bzw. in Großbuchstaben
dargestellt. Die Donor und Akzeptor Sequenzen der Splicestellen sind als
graue Rechtecke unterlegt und deren Exon Intron Herkunft ist ebenfalls
angegeben.

25

20

Fig. 9: Identifizierung des Transkriptionsstarts durch RT-PCR Analyse.

Die RT-PCR wurde mit cDNA-Bibliothek aus HL 60 Zellen und genomischer DNA als Positivkontrolle durchgeführt. Ein gemeinsamer 3'-Primer hybridisiert an eine Sequenzregion aus Exon 1. Die Position der verschiedenen 5' Primer in der kodierenden Region oder der 5'flankierenden Region ist angegeben. In der Negativkontrolle wurde keine

Template-DNA in der PCR-Reaktion zugegeben. M: DNA-Größenmarker.

Fig. 10: Nukleotidsequenz und Strukturmerkmale des hTC-Promotors.

11273 bp der 5'-flankierenden hTC Gensequenz, beginnend mit dem Translationsstartcodon ATG (+1) sind dargestellt. Die putative Region des Translationsstarts ist unterstrichen. Mögliche regulatorische Sequenzabschnitte innerhalb der 4000 bp stromaufwärts des Translationsstarts sind umrandet. Die dargestellte Sequenz entspricht SEQ ID NO 3.

10

15

.5

Fig. 11: Aktivität des hTC-Promotors in HEK-293 Zellen.

Im oberen Bereich der Abbildung sind die ersten 5000 bp der 5'flankierenden hTC Genregion schematisch dargestellt. Das ATGStartcodon ist hervorgehoben. CpG reiche Inseln sind durch graue
Rechtecke markiert. Auf der linken Abbildungsseite sind die Größen der
hTC Promotor-Luziferase Konstukte dargestellt. Das pomotorlose pGL2Basic Konstrukt und das SV40 Promotorkonstrukt pGL2-Pro wurden in
jeder Transfektion als Kontrollen eingesetzt. Auf der rechten Abbildungsseite sind ist die relative Luziferaseaktivität der verschiedenen
Promotorkonstukte in HEK-Zellen als durchgehende Balken gezeigt. Die
Standardabweichung ist angegeben. Die Zahlenwerte repräsentieren den
Durchschnitt von zwei unabhängigen Experimenten, die in Duplikaten
durchgeführt wurden.

20

25

Tab. 1: Exon Intron Übergänge des hTC-Gens

Aufgelistet sind die Nukleotidsequenzen an den 3'- und 5' Spliceübergängen des hTC-Gens. Die Konsensussequenzen für Donor und Akzeptorsequenzen (AG und GT) sind durch graue Rechtecke unterlegt. Intronsequenzen (Kleinbuchstaben) und Exonsequenzen (Großbuchstaben), die die Spliceakzeptor- und Donorstellen flankieren sind gezeigt. Die Größe der Exons und Introns ist in bp angegeben.

Tab. 2: Potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Faktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2

5

Die Suche nach möglichen DNA-bindenden Faktoren (z.B. Transkriptionsfaktoren) wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Aufgelistet sind die Abkürzungen der identifizierten DNA-bindenden Faktoren und deren Lokalisation in Intron 2.

| 3' Acceptor Sequence | | | | 5. Donor Sequence | | | |
|-----------------------|---------------------|--------------|------|---------------------|------------------------|----------|---------|
| Intron | Exon | Exon | đq | Exon | Intron | Intr | đq |
| | | No. | | | | o | |
| | | | | | | No. | |
| | | • | • | | | • | |
| 5' nankierende Region | GTTTCAGGCAGCGCTGCGT | - | 281 | CGCCCCCCTTCCGCCAG | BoıbBBBoooonooBBBıb | ⊣ | LO4 |
| cagggcgcttcccccgdag | GTGTCCTGCCTGAAGGAGC | 64 | 1354 | TGGCTGCGCAGGAGCCCAG | gtgaggaggtggtggccgt | 7 | 8616 |
| catgtccttctcgtttaag | GGGTTGGCTGTGTTCCGGC | m | 196 | TGCAAAGCATTGGAATCAG | gtactgtatccccacgcca | ო | 2089 |
| gagggctctctattgdag | ACAGCACTTGAAGAGGGTG | 4 | 181 | GTTCCGCAGAGAAAAGAGG | gtggctgtgctttggttta | 4 | 687 |
| ccatgctgtcccgcdag | GCCGAGCGTCTCACCTCGA | ហ | 180 | TGAGCTGTACTTTGTCAAG | gtgggtgccggggacccc | ហ | 494 |
| ctegecteacteacadag | GIGGAIGIGACGGGCGCGI | 9 | 156 | CAAGGCCTTCAAGAGCCAC | gtaaggttcacgtgtgata | φ | >4660 |
| ccctctctgccggdag | GTCTCTACCTTGACAGACC | 7 | 96 | TGCCGTCGTCATCGAGCAG | gtctgggcactgcctgca | | 980 |
| ctcccgtctgctttcgcag | AGCTCCTCCTGAATGAGG | & | 86 | CCGTGCGCATCAGGGGCAA | gtgagtcaggtggccaggt | ω | 2485 |
| ctgtgtcttcccgcccdag | GTCCTACGTCCAGTGCCAG | σı | 114 | CGGGGATTCGGCGGGACGG | gtgaggcetectetecee | o | 1984 |
| gtatttcccttatttag | gcrecrecerrregre | 10 | 72 | ACGCGAAAACCTTCCTCAG | gtgaggcccgtgcgtgtg | 10 | 1871 |
| cattgccctctgccttag | GACCCTGGTCCGAGGTGTC | 11 | 189 | TGCAGAGCGACTACTCCAG | gtgagcgcacctggccgga | 11 | 380). |
| attccccctgtgtctdag | CIAIGCCCGGACCICCAIC | 12 | 127 | CCTGTTTCTGGATTTGCAG | gtgagcaggctgatggtca | 12 | 98 0 |
| tettettggegaetetag | GTGAACAGCCTCCAGACGG | 13 | 62 | TCCTGCTGCAGGCGTACAG | gtgagccgccaccaagggg | 13 | 318, |
| ctgtccgccatcctctag | GITICACGCAIGIGIGCIG | 14 | 125 | CTGAAAGCCAAGAACGCAG | gtatgtgcaggtgcctggc | 14 | 781 |
| agcctctgtttccccdag | GGATGTCGCTGGGGGCCAA | 15 | 138 | CTGGGGTCACTCAGGACAG | gcaagtgtgggtggaggcc | 15 | 536 |
| tetaattttaacccgcag | CCCAGACGCAGCTGAGTCG | 16 | 664 | TTTTTCAGTTTTGAAAAA | 3' flankierende Region | | |

Lab. 1

Tab. 2

| Faktoren | Lokalisation in Intron 2 |
|--------------------|---|
| C/EBP | 2925 |
| CRE.2 | 2749 |
| Spl | 2378, 4094, 4526, 4787, 4835, 4995 |
| AP-2 CS3 | 5099 |
| AP-2 CS4 | 2213, 3699, 4667, 5878, 5938, 6059, 6180, 6496 |
| AP-2 CS5 | 5350, 5798, 5880, 5940, 6061, 6182, 6375, 6498 |
| PEA3 | 934, 2505 |
| P53 - | 2125 |
| GR uteroglobin | 848, 1487, 2956 |
| PR uteroglobin | 3331 |
| Zeste-white | 1577, 1619, 1703, 1745, 1787, 1829, 1871, 1913, 1955, |
| | 1997, 2039, 2081, 3518, 3709, 4765, 5014, 5055 |
| GRE | 846 |
| MyoD-MCK right | 447, 509, 558, 1370, 1595, 1900, 2028, 2099, 4557 |
| site/rev | |
| MyoD-MCK left site | 108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902, |
| | 1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030 |
| Ets-1 CS | 6408 |
| AP1 | 3784, 4406 |
| CREB | 2801 |
| GATA-1 | 839, 1390, 3154 |
| с-Мус | 108, 118, 453, 1566, 1608, 1692, 1734, 1818, 1902, |
| | 1986, 2372, 2460, 2720, 3491, 5030 |
| CACCC site | 991 |
| CCAAT site | 1224 |
| CCAC box | 992 |
| CAAT site | 463, 2395 |
| Rb site | 992, 4663 |
| TATA | 3650 |
| CDEI | 106, 1564, 1606, 1690, 1732, 1816, 1900, 1984 |

Beispiele

Das menschliche Gen für die katalytische Telomerase Untereinheit (ghTC), sowie die 5' und 3' liegenden Bereiche dieses Gens wurden kloniert, der Startpunkt der Transkription bestimmt, potentielle Bindungsstellen für DNA-bindende Proteine identifiziert, sowie aktive Promotorfragmente aufgezeigt. Die Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6) ist bereits in unserer ebenfalls anhängigen Anmeldung PCT/EP/98/03468 beschrieben. Wenn nicht gesondert erwähnt, beziehen sich sämtliche Angaben zur cDNA-Position auf diese Sequenz.

10

15

20

25

5

Beispiel 1

Durch eine genomische Southern Blot-Analyse wurde bestimmt, ob ghTC im menschlichen Genom ein Einzelgen darstellt oder mehrere Loci für das hTC-Gen bzw. eventuell auch ghTC-Pseudogene existieren.

Hierzu wurde ein kommerziell erhältlicher Zoo-Blot der Firma Clontech einer Southern Blot-Analyse unterzogen. Dieser Blot enthält 4 μg Eco RI geschnittene genomische DNA von neun verschiedenen Spezies (Mensch, Affe, Ratte, Maus, Hund, Rind, Kaninchen, Huhn und Hefe). Mit Ausnahme von Hefe, Huhn und Mensch wurde die DNA aus Nierengewebe isoliert. Die humane genomische DNA wurde aus Plazenta isoliert und die genomische DNA aus Huhn wurde aus Lebergewebe aufgereinigt. Im Autoradiogramm in Fig. 1 wurde als radioaktiv-markierte Sonde ein etwa 720 bp langes hTC-cDNA Fragment, isoliert aus der hTC cDNA, Variante Del2 (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2590 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5 der Fig. 8]), eingesetzt. Die experimentellen Bedingungen für die Hybridisierung und die Waschschritte des Blots erfolgten in Anlehnung an Ausubel et al. (1987).

Im Fall der humanen DNA erkennt die Sonde zwei spezifische DNA-Fragmente. Das kleinere, etwa 1,5 bis 1,8 kb lange Eco RI-Fragment geht wahrscheinlich auf zwei

Eco RI-Schnittstellen in einem Intron der ghTC-DNA zurück. Aufgrund dieses Ergebnisses ist davon auszugehen, daß nur ein singuläres ghTC-Gen im menschlichen Genom vorliegt.

5 Beispiel 2

10

15

20

25

Zur Isolierung der 5' flankierenden hTC-Gensequenz wurden ca 1,5 x 106 Phagen einer humanen genomischen Plazenta-Genbibliothek (EMBL 3 SP6/T7 der Firma Clontech, Bestellnummer HL1067j) auf Nitrozellulosefilter (0,45 μm; Fa. Schleicher und Schuell) nach Angaben des Herstellers mit einem radioaktiv markierten, etwa 500 bp langen 5'-hTC-cDNA Fragment (Position 839 bis 1345 der Fig. 6) hybridisiert. Die Nitrozellulosefilter wurden zunächst in 2 x SSC (0,3 M NaCl; 0,5 M Tris-HCl, pH 8,0) und anschließend in einer Prähybridisierungslösung (50 % Formamid; 5 x SSPE, pH 7,4; 5 x Denhards-Lösung; 0,25 % SDS; 100 μg/ml Heringsperma-DNA) zwei Stunden bei 42°C inkubiert. Für die Hybrididsierung über Nacht wurde die Prähybridisierungslösung mit 1,5 x 106 cpm/ml Lösung denaturierter, radioaktiv markierter Probe ergänzt. Unspezifisch gebundene, radioaktive DNA wurde unter stringenten Bedingungen, d.h. durch drei fünfminütige Waschschritte mit 2 x SSC; 0,1 % SDS bei 55 bis 65 °C entfernt. Die Auswertung erfolgte durch Autoradiographie der Filter.

Die in dieser Primäruntersuchung identifizierten Phagenklone wurden aufgereinigt Ausubel et al. (1987). In weitergehenden Analysen stellte sich ein Phagenklon P12 als potentiell positiv heraus. Eine λ -DNA Präparation dieses Phagens Ausubel et al. (1987) und der nachfolgende Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, zeigte, daß dieser Phagenklon ein ca. 15 kb Insert im Vektor enthält (Fig. 2).

Zur Isolierung der vollständigen hTC-Gensequenz wurden in unabhängigen

Experimenten jeweils 1 bis 1,5 x 10⁶ Phagen mit jeweils verschiedenen radioaktiv

markierten Sonden wie oben beschrieben durchmustert.

Die in diesen Primäruntersuchungen identifizierten, für die entsprechenden Sonden positiven Phagenklone wurden aufgereinigt. Der Phagenklon P17 wurde mit einem etwa 250 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1787 bis 2040 der Fig. 6) gefunden. Der Phagenklon P2 wurde mit einem etwa 740 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1685 bis 2349 plus 2531 bis 2607 der Fig. 6 [Deletion 2; vergl. Beispiel 5]) identifiziert. Die Phagenklone P3 und P5 wurden mit einem 420 bp langen 3' hTC-cDNA Fragment (Position 3047 bis 3470 der Fig. 6) gefunden. Nach λ-DNA Präparation dieser Phagen und nachfolgendem Restriktionsverdau mit Enzymen, die das genomische Insert in Fragmenten freisetzen, wurden die Inserts in Plasmide umkloniert (Beispiel 4).

Beispiel 3

- Um zu untersuchen, ob auch das 5'-Ende der hTC-cDNA im Insert des rekombinanten Phagenklons P12 vorliegt, wurde λ-DNA dieses Klons in einer Southern Blot Analyse mit einem radioaktiv markierten etwa 440 bp langen hTC-cDNA Fragment (Position 1 bis 440 der Fig. 6) aus dem extremen 5'-Bereich hybridisiert (Fig. 3).
- Da die isolierte λ-DNA des positiven Klons auch mit dem extremen 5'-Ende der hTC-cDNA hybridisiert, enthält dieser Phage wahrscheinlich auch den das ATG-Startcodon flankierenden 5'-Sequenzbereich.

Beispiel 4

25

5

10

Um das gesamte 15 kb lange Insert des positiven Phagenklons P12 in Teilfragmenten umzuklonieren und anschließend zu sequenzieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einem das gesamte Insert aus EMBL3 Sp6/T7 freisetzen (vgl. Beispiel 2) und zusätzlich im Insert schneiden.

10

15

Insgesamt wurden ein etwa 8,3 und ein etwa 6,5 kb langes Xho I-Subfragment sowie ein etwa 8,5, ein etwa 3,5 und ein etwa 3 kb langes Sac I-Teilfragment in den Vektor pBluescript KS(+) (Fa. Stratagene) umkloniert. Durch Sequenzanalyse dieser Fragmente wurde die Nukleotidsequenz von 5123 bp 5'-flankierenden des ghTC-Genbereichs, ausgehend vom ATG-Startcodon bestimmt (Fig. 4; entsprechend SEQ ID NO 1). In der Fig. 4 sind die ersten (ausgehend vom ATG-Startcodon) 5123 bp dargestellt. In der Fig. 10 (entsprechend SEQ ID NO 3) die gesamte klonierte 5' Sequenz.

Um das gesamte ca. 14,6 kb große Insert des Phagenklons P17 in Teilfragmenten umzuklonieren, wurden zum DNA-Verdau Restriktionsendonukleasen ausgewählt, die zum einen das gesamte Insert aus EMLB3 Sp6/T7 freisetzen und zusätzlich einige Male im Insert schneiden. Durch Kombinationsverdau mit den Enzymen XhoI und BamHI wurden ein 7,1 kb, ein 4,2 kb und ein 1,5 kb großes XhoI-BamHI-Fragment sowie ein 1,8 kb großes BamHI-Fragment subkloniert. Der Kombinations-Restriktionsverdau mit den Enzymen XhoI und XbaI führte zur Klonierung von einem 6,5 kb großen XhoI-XbaI-Fragment, einem 6,5 kb und einem 1,5 kb großem XhoI-Fragment.

Die Umklonierung des ca. 17,9 kb großem Inserts des Phagenklons P2 in Subfragmente erfolgte durch Verdau mit dem Restriktionsenzym Xhol. Insgesamt wurde ein 7,5 kb, ein 6,4 kb sowie ein 1,6 kb langes Xhol-Subfragment kloniert. Durch Verdau mit dem Restriktionsenzym Sacl wurde zusätzlich ein 4,8 kb, ein 3 kb, ein 2 kb sowie ein 1,8 kb großes Sacl-Fragment subkloniert.

25

· 20

Das ca. 13,5 kb große Insert des Phagenklons P3 wurde durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI subkloniert. Dabei wurden ein 3,2 kb, ein 2 kb, ein 0,9 kb, ein 0,8 kb, ein 0,65 kb und ein 0,5 kb langes SacI-Subfragment sowie ein 6,5 kb und ein 4,3 kb langes XhoI-Subfragment erhalten.

Die Subklonierung des ca. 13,2 kb großen Inserts des Phagenklons P5 erfolgte durch Verdau mit den Restriktionsenzymen SacI bzw. XhoI. Insgesamt wurden SacI-Fragmente von 6,5 kb, 3,3 kb, 3,2 kb, 0,8 kb und 0,3 kb Größe sowie XhoI-Fragmente von 7 kb und 3,2 kb Größe subkloniert.

5

10

15

20

25

30

Zur Klonierung des 3' von Phagenklon P17 und 5' von Phagenklon P2 gelegenen hTC-genomischen Sequenzbereichs wurden 3 Genomic Walkings mit Hilfe des GenomeWalker™ Kits der Firma Clontech (Katalognummer K1803-1) und verschiedenen Primerkombinationen durchgeführt. In einem Endvolumen von 50 ul wurde 1 µl humaner GenomeWalker Library HDL (Fa. Clontech) mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xKlen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden 10 pmol eines internen genspezifischen Primers sowie 10 pmol des Adaptor Primers AP1 (5'-GTAATACGACTCACTATAGGGC-3'; Fa. Clontech) zugefügt. Die PCR wurde als Touchdown-PCR in 3 Schritten durchgeführt. Zunächst wurde über 7 Zyklen für 20 sec bei 94°C denaturiert und anschließend für 4 min bei 72°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert. Es folgten 37 Zyklen bei denen für 20 sec die DNA bei 94°C denaturiert wurde, die anschließende Primerverlängerung aber für 4 min bei 67°C erfolgte. Abschließend folgte eine Kettenverlängerung für 4 min bei 67°C. Im Anschluß an diese erste PCR wurde das PCR-Produkt 1:50 verdünnt. Ein µl dieser Verdünnung wurde in einer zweiten "nested" PCR zusammen mit 10 pmol dNTP-Mix in 1xKlen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1xAdvantage Klen Taq Polymerase-Mix sowie 10 pmol eines "nested" genspezifischen Primers und 10 pmol des "nested" Marathon Adaptor Primers AP2 (5'-ACTATAGGGCACGCGTGGT-3'; Fa. Clontech) eingesetzt. Die PCR-Bedingungen entsprachen den in der ersten PCR gewählten Parametern. Als einzige Ausnahme wurden im ersten PCR-Schritt statt 7 Zyklen nur 5 Zyklen gewählt und im zweiten PCR-Schritt statt 37 Zyklen nur 24 Zyklen durchlaufen. Produkte dieser Nested-Genomic Walking-PCR wurden in den TA-Cloning Vektor pCRII der Fa. In Vitrogen kloniert.

Im ersten Genomic Walking wurde der genspezifische Primer C3K2-GSP1 (5'-GACGTGGCTCTTGAAGGCCTTG-3') sowie der "nested" genspezifische Primer C3K2-GSP2 (5'-GCCTTCTGGACCACGGCATACC-3') zusammen mit der HDL-Library 4 eingesetzt und ein 1639 bp langes PCR-Fragment erhalten. Im zweiten Genomic Walking wurde mit dem genspezifischen Primer C3F2 (5'-CGTAGTTGAGCACGCTGAACAGTG-3') und dem "nested" genspezifischen Primer C3F (5'-CCTTCACCCTCGAGGTGAGACGCT-3') aus der HDL-Library 4 ein PCR-Fragment von 685 bp Länge amplifiziert. Der dritte Genomic Walking Ansatz führte unter Einsatz des genspezifischen Primers DEL5-GSP1 (5'-GGTGGATGTGACGGGCGCGTACG-3') und des "nested" genspezifischen Primers C5K-GSP1 (5'-GGTATGCCGTGGTCCAGAAGGC-3') zur Klonierung eines 924 bp PCR-Fragments aus der HDL-Library 1. Insgesamt wurden durch dieses Genomic Walking-Verfahren 2100 bp der 3' von Phagenklon P17 gelegenen genomischen hTC-Region identifiziert (s. Fig. 7).

15

20

25

5

10

Die subklonierten Fragmente sowie die Genomic Walking-Produkte wurden einzelsträngig sequenziert. Unter Verwendung der Lasergene Biocomputing Software (DNASTAR Inc. Madison, Wisconsin, USA) wurden überlappende Bereiche identifiziert und Contigs gebildet. Insgesamt wurden aus den gesammelten Sequenzen der Phagenklone P12, P17, P2, P3 und P5 sowie den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking 2 große Contigs zusammengestellt. Contig 1 besteht aus Sequenzdaten von Phagenklon P12, P17 und den Sequenzdaten aus dem Genomic Walking. Contig 2 wurde aus den Sequenzen von Phagenklon P2, P3 und P5 zusammengesetzt. Überlappende Phagenklonbereiche sind in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die Sequenzdaten der 2 Contigs sind nachfolgend dargestellt. Das ATG Startcodon in Contig 1 ist unterstrichen. Das TGA Stopcodon ist in Contig 2 unterstrichen.

Contig1:

| | ACTTGAGCCC | AAGAGTTCAA | GGCTACGGTG | AGCCATGATT | GCAACACCAC | ACGCCAGCCT | TGGTGACAGA | 70 |
|----------------|-------------|---------------|----------------|--------------|-----------------|---|-------------|------|
| - | ATGAGACCCT | GTCTCAAAAA | AAAAAAAAA | AATTGAAATA | ATATAAAGCA | TCTTCTCTGG | CCACAGTGGA | 140 |
| 5 | ACAAAACCAG | AAATCAACAA | CAAGAGGAAT | TTTGAAAACT | ATACAAACAC | ATCAAAATTA | 747443744 | 210 |
| | TTCTGAATGA | CCAGTGAGTC | AATCAACAAA | TTABABACCA | AAPPCAAAAA | TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT | CARATCARA | 210 |
| | CCCDDDCDTA | ACCTCTCAAA | ACCCACCCEA | TIANAMANOOA | COLORGONIA | CILCILIANG | CAMAIGAIAA | 200 |
| | ACCACCTACA | MCCICICAAA | ACCCACGGIA | TACAGCAAAA | GCAGTGCTAA | GAAGGAAGTT | TATAGCTATA | 350 |
| | AGCAGCIACA | TCAAAAAAGT | AGAAAAGCCA | GGCGCAGTGG | CTCATGCCTG | TAATCCCAGC | ACTTTGGGAG | 420 |
| 10 | GCCAAGGCGG | GCAGATCGCC | TGAGGTCAGG | AGTTCGAGAC | CAGCCTGACC | AACACAGAGA | AACCTTGTCG | 490 |
| 10 | CTACTAAAAA | TACAAAATTA | GCTGGGCATG | GTGGCACATG | CCTGTAATCC | CAGCTACTCG | GGAGGCTGAG | 560 |
| | GCAGGATAAC | CGCTTGAACC | CAGGAGGTGG | AGGTTGCGGT | GAGCCGGGAT | TGCGCCATTG | GACTCCAGCC | 630 |
| | TGGGTAACAA | GAGTGAAACC | CTGTCTCAAG | AAAAAAAAA | AAGTAGAAAA | ACTTABABAT | ACAACCTAAT | 700 |
| | GATGCACCTT | AAAGAACTAG | ANANGCANGA | CCAAACTAAA | CCTABAATTC | CTADAACAAA | ACAAATAATA | 770 |
| | AAGATCAGAG | CAGAAATAAA | TCARACTCAR | ACAMA ACA AM | CCIMMMITO | DIAMAMAMA | MOMMATAMIA | 770 |
| 15 | TTTTCARARC | CACAAAAAAA | TONANCIGAN | MUNIMACAAI | ACAAAAGATC | AACAAAATTA | AAAGTTGGTT | 840 |
| 15 | IIIIIGAAAAG | ATAAACAAAA | TTGACAAACC | TTTGCCCAGA | CTAAGAAAAA | AGGAAAGAAG | ACCTAAATAA | 910 |
| | ATAAAGTCAG | AGATGAAAAA | AGAGACATTA | CAACTGATAC | CACAGAAATT | CAAAGGATCA | CTAGAGGCTA | 980 |
| | CTATGAGCAA | CTGTACACTA | ATAAATTGAA | AAACCTAGAA | AAAATAGATA | AATTCCTAGA | TGCATACAAC | 1050 |
| | CTACCAAGAT | TGAACCATGA | AGAAATCCAA | AGCCCAAACA | GACCAATAAC | AATAATGGGA | TTAAAGCCAT | 1120 |
| | AATAAAAAGT | CTCCTAGCAA | AGAGAAGCCC | AGGACCCAAT | GGCTTCCCTG | CTGGATTTTA | CCAATCATTT | 1190 |
| 20 | AAAGAAGAAT | GAATTCCAAT | CCTACTCAAA | CTATTCTGAA | AAATAGAGGA | AAGAATACTT | CCAAACTCAT | 1260 |
| | TCTACATGGC | CAGTATTACC | CTGATTCCAA | DACCACACAA | A A A CA CA TCA | ANARCARACA | 2000000000 | 1220 |
| | CAGAAAGAAA | GAAAACTACA | CCCCAATATC | CCTCATCAA | AAACACAICA | AAAACAAACA | AACAAAAAA | 1330 |
| | COLLANDAN | GULLULU CA | GGCCAATATC | CCIGAIGAAI | ACTGATACAA | AAATCCTCAA | CAAAACACTA | 1400 |
| | GCAAACCAAA | TTAAACAACA | CCTTCGAAAG | ATCATTCATT | GTGATCAAGT | GGGATTTATT | CCAGGGATGG | 1470 |
| 25 | AAGGATGGTT | CAACATATGC | AAATCAATCA | ATGTGATACA | TCATCCCAAC | AAAATGAAGT | ACAAAAACTA | 1540 |
| 25 | TATGATTATT | TCACTTTATG | CAGAAAAAGC | ATTTGATAAA | ATTCTGCACC | CTTCATGATA | AAAACCCTCA | 1610 |
| | AAAAACCAGG | TATACAAGAA | ACATACAGGC | CAGGCACAGT | GGCTCACACC | TGCGATCCCA | GCACTCTGGG | 1680 |
| | AGGCCAAGGT | GGGATGATTG | CTTGGGCCCA | GGAGTTTGAG | ACTAGCCTGG | CCAACAAAAT | GAGACCTGGT | 1750 |
| | CTACAAAAA | CTTTTTTAAA | AAATTAGCCA | GCCATGATGG | CATATCCCTC | TACTCCCACC | TACTCTCCAC | 1020 |
| | GCTGAGGTGG | GAGAATCACT | TARCCCTACC | ACCTCCACCC | TECNETOR | CAMCAACAMC | TAGICIGGAG | 1020 |
| 30 | CCACCCTACA | CARCACIACA | TANGCCIAGG | AGGICGAGGC | 1 GCAG I GAGC | CAIGAACAIG | TCACIGIACI | 1990 |
| 50 | LCAGCCTAGA | CAACAGAACA | AGACCCCACT | GAATAAGAAG | AAGGAGAAGG | AGAAGGGAGA | AGGGAGGGAG | 1960 |
| | AAGGGAGGAG | GAGGAGAAGG | AGGAGGTGGA | GGAGAAGTGG | AAGGGGAAGG | GGAAGGGAAA | GAGGAAGAAG | 2030 |
| | AAGAAACATA | TTTCAACATA | ATAAAAGCCC | TATATGACAG | ACCGAGGTAG | TATTATGAGG | AAAAACTGAA | 2100 |
| | AGCCTTTCCT | CTAAGATCTG | GAAAATGACA | AGGGCCCACT | TTCACCACTG | TGATTCAACA | TAGTACTAGA | 2170 |
| | AGTCCTAGCT | AGAGCAATCA | GATAAGAGAA | AGAAATAAAA | GCCATCCAAA | CTGGAAAGGA | AGAAGTCAAA | 2240 |
| 35 | TTATCCTGTT | TGCAGATGAT | ATGATCTTAT | ATCTGGAAAA | CACTTAACAC | ACCACTAAAA | AACTATTAGA | 2310 |
| | GCTGAAATTT | GGTACAGCAG | CATACARAT | CARTCTACAA | ANDCACTAC | TATE OF THE PARTY | MTCCA ACACC | 2210 |
| | BARCARTCTC | AAAAACAAAC | CARARAGE | CAMIDIACAA | AAATCAGTAG | TATTICIATA | TICCAACAGC | 2380 |
| | CACLLLCIG | AAAAAGAAAC | CAAAAAAGCA | GCTACAAATA | AAATTAAACA | GCTAGGAATT | AACCAAAGAA | 2450 |
| | GTGAAAGATC | TCTACAATGA | AAACTATAAA | ATGTTGATAA | AAGAAATTGA | AGAGGGCACA | AAAAAAGAAA | 2520 |
| 40 | AGATATTCCA | TGTTCATAGA | TTGGAAGAAT | AAATACTGTT | AAAATGTCCA | TACTACCCAA | AGCAATTTAC | 2590 |
| 40 | AAATTCAATG | CAATCCCTAT | TAAAATACTA | ATGACGTTCT | TCACAGAAAT | AGAAGAAACA | ATTCTAAGAT | 2660 |
| | TTGTACAGAA | CCACAAAAGA | CCCAGAATAG | CCAAAGCTAT | CCTGACCAAA | AAGAACAAAA | CTGGAAGCAT | 2730 |
| | CACATTACCT | GACTTCAAAT | TATACTACAA | AGCTATAGTA | ACCCABACTA | CATGGTACTG | CCATAAAAAC | 2800 |
| | AGATGAGACA | TGGACCAGAG | CAACACAATA | CACAATCCAC | NANCARATCO | ATCCATCTAC | BCTCABCTCA | 2000 |
| | TTTTTCACAA | ACCTCCCAAC | 3.ACAMACRORATA | CCCCALLAC | AAACAAATCC | AIGCAICIAC | AGIGAACICA | 2010 |
| 45 | TITITGACAA | AGGTGCCAAG | AACATACTTT | GGGGAAAAGA | TAATCTCTTC | AATAAATGGT | GCTGGAGGAA | 2940 |
| 40 | CTGGATATCC | ATATGCAAAA | TAACAATACT | AGAACTCTGT | CTCTCACCAT | ATACAAAAGC | AAATCAAAAT | 3010 |
| | GGATGAAAGG | CTTAAATCTA | AAACCTCAAA | CTTTGCAACT | ACTAAAAGAA | AACACCGGAG | AAACTCTCCA | 3080 |
| | GGACATTGGA | GTGGGCAAAG | ACTTCTTGAG | TAATTCCCTG | CAGGCACAGG | CAACCAAAGC | AAAAACAGAC | 3150 |
| | AAATGGGATC | ATATCAAGTT | AAAAAGCTTC | TGCCCAGCAA | AGGAAACAAT | CAACAAAGAG | AAGAGACAAC | 3220 |
| | CCACAGAATG | GGAGAATATA | TTTGCAAACT | ATTCATCTAA | CARCCARTTA | ATAACCACTA | TATATABACCA | 3300 |
| 50 | CCTCAAACTA | CTCTATAAGA | AAAACACCTA | ATT ACCTCAT | TTTCABAAAT | BECCESSE | TATALANGON | 3250 |
| | CATTTTCTCAA | A DEL A CECAE | ACARAMOCCIA | ATAAGCIGAT | TITCAAAAAT | AAGCAAAAGA | TCTGGGTAGA | 3360 |
| | CATTICICAA | AATAAGTCAT | ACAAATGGCA | AACAGGCATC | TGAAAATGTG | CTCAACACCA | CTGATCATCA | 3430 |
| • | GAGAAATGCA | AATCAAAACŢ | ACTATGAGAG | ATCATCTCAT | CCCAGTTAAA | ATGGCTTTTA | TTCAAAAGAC | 3500 |
| | AGGCAATAAC | AAATGCCAGT | GAGGATGTGG | ATAAAAGGAA | ACCCTTGGAC | ACTGTTGGTG | GGAATGGAAA | 3570 |
| | TTGCTACCAC | TATGGAGAAC | AGTTTGAAAG | TTCCTCAAAA | AACTAAAAAT | AAAGCTACCA | TACAGCAATC | 3640 |
| 55 | CCATTGCTAG | GTATATACTC | CAAAAAAGGG | AATCAGTGTA | TCAACAAGCT | ATCTCCACTC | CCACATTTAC | 3710 |
| | TGCAGCACTG | TTCATAGCAG | CCAAGGTTTG | CAACCAACCT | CAGTGTCCAT | CARCAGACCA | ATCCARAAAC | 3790 |
| | AAAATGTGGT | GCACATACAC | BATCCACTAC | #ACCCACCCA | CAGIGICCAI | TCACAGACGA | MC CEMCCA A | 3100 |
| | CVCCVBCCCC | CCACATACAC | AATGGAGTAC | TACGCAGCCA | TAAAAAAGAA | TGAGATCCTG | TCAGTTGCAA | 3820 |
| | CHOCHIGGGG | GGCACTGGTC | AGTATGTTAA | GTGAAATAAG | CCAGGCACAG | AAAGACAAAC | TTTTCATGTT | 3920 |
| 60 | CTCCCTTACT | TGTGGGAGCA | AAAATTAAAA | CAATTGACAT | AGAAATAGAG | GAGAATGGTG | GTTCTAGAGG | 3990 |
| 60 - | GGTGGGGGAC | AGGGTGACTA | GAGTCAACAA | TAATTTATTG | TATGTTTTAA | AATAACTAAA | AGAGTATAAT | 4060 |
| | TGGGTTGTTT | GTAACACAAA | GAAAGGATAA | ATGCTTGAAG | GTGACAGATA | CCCCATTTAC | CCTGATGTGA | 4130 |
| | TTATTACACA | TTGTATGCCT | GTATCAAAAT | ATCTCATGTA | TCCTATAGAT | ATAAACCCTA | CTATATTAAA | 4200 |
| | TTAGAGTTAG | TTAATGGCCA | GGCACGGTGG | CTCATCTCCC | TAATCCCACC | ACTTTCCCAC | CCCCACCCCC | 4270 |
| | GTGGATCACC | TGAGGTCAGG | ACTTTC NA AC | CICAIGICCG | TANTCCCAGC | ACTITOGGAG | GCCGAGGCGG | 4270 |
| 65 | TACABABARC | 1 GAGGI CAGG | AGTITGAAAC | CAGICIGGCC | ACCATGATGA | AACCCTGTCT | CTACTAAAGA | 4340 |
| 05 | TACAAAAATT | AGCCAGGCGT | GGTGGCACAT | ACCTGTAGTC | CCAACTACTC | AGGAGGCTGA | GACAGGAGAA | 4410 |
| | TIGCTTGAAC | CTGGGAGGCG | GAGGTTGCAG | TGAGCCGAGA | TCATGCCACT | GCACTGCAGC | CTGGGTGACA | 4480 |
| | GAGCAAGACT | CCATCTCAAA | ACAAAAACAA | AAAAAAGAAG | ATTAAAATTG | TAATTTTTAT | GTACCGTATA | 4550 |
| | AATATATACT | CTACTATATT | AGAAGTTAAA | AATTAAAACA | ATTATAAAAG | GTAATTAACC | ACTTAATCTA | 4620 |
| | AAATAAGAAC | AATGTATGTG | GGGTTTCTAG | CTTCTCAACA | ACTALABOTT | ATGGCCACGA | TEGENERALT | 4690 |
| 70 | GTGAGGAGGG | AACAGTGGAA | GTTACTCTTC | TTACACCCTC | TATACACACAC | GGCCACGA | AATTTTAAACC | 4760 |
| · - | PARCACACCO | TCCCACAACT | TARACTOLIG | TINUNCUCIC | MINCICICIO | I MAGIGACIT | MALLITANCC | 4/00 |
| | TARTCTCTA | TGGGAGAAGT | IAMAGAGGCA | TICTATAAGC | CCTAAAACAA | CIGCTAATAA | IGGIGAAAGG | 4830 |
| | TAATUTUTAT | TAATTACCAA | TAATTACAGA | TATCTCTAAA | ATCGAGCTGC | AGAATTGGCA | CGTCTGATCA | 4900 |
| | CACCGTCCTC | TCATTCACGG | TGCTTTTTTT | CTTGTGTGCT | TGGAGATTTT | CGATTGTGTG | TTCGTGTTTG | 4970 |
| 25 | GTTAAACTTA | ATCTGTATGA | ATCCTGAAAC | GAAAAATGGT | GGTGATTTCC | TCCAGAAGAA | TTAGAGTACC | 5040 |
| 75 | TGGCAGGAAG. | CAGGTGGCTC | TGTGGACCTG | AGCCACTTCA | ATCTTCAAGG | GTCTCTGGCC | AAGACCCAGG | 5110 |
| | | | | | | | | J.10 |

| | TGCAAGGCAG | AGGCCTGATG | ACCCGAGGAC | AGGAAAGCTC | GGATGGGAAG | GGGCGATGAG | AAGCCTGCCT | 5180 |
|-------|------------|------------|------------|------------|------------|-------------------|------------|-------|
| | | CAGCGCATGA | | | | | | |
| | | CGGGAATGCA | | | | | | |
| _ | | TGCCAGAGGG | | | | | | |
| 5 | AGCAGTGACC | AAGGTGTATT | CTGAGGGAAG | CTTGAGTTAG | GTGCCTTCTT | TAAAACAGAA | AGTCATGGAA | 5460 |
| | GCACCCTTCT | CAAGGGAAAA | CCAGACGCCC | GCTCTGCGGT | CATTTACCTC | TTTCCTCTCT | CCCTCTCTTG | 5530 |
| * | | TTCTGATCGG | | | | | | |
| | | TCCACAGACC | | | | | | |
| 10 | | CGGACAGCGA | | | | | | |
| 10. | CCGAATGGAT | TTGGATTTTA | TCTTAATATT | TTCTTAAATT | TCATCAAATA | ACATTCAGGA | CTGCAGAAAT | 5810 |
| | | AAAACAGGAA | | | | | | |
| | ATTTTTCGCC | CTAAGTACTT | TTTATTGGTT | TTCATAAGGT | GGCTTAGGGT | GCAAGGGAAA | GTACACGAGG | 5950 |
| | | GCGGCAGGGC | | | | | | |
| 1.5 | | CACTGACCGT | | | | | | |
| 15 | GTGACTCAGG | ACCCCATACC | GGCTTCCTGG | GCCCACCCAC | ACTAACCCAG | GAAGTCACGG | AGCTCTGAAC | 6160 |
| | | GAACATGACC | | | | | | |
| | | ATGTAAATTA | | | | | | |
| | | GAATGATTCC | | | | | | |
| 20." | | TAGGCCCACA | | | | | | |
| 20 | GCTTTCAGCC | ACCAGGCTGG | GGTGACAACA | GCGGCTGAAC | AGTCTGTTCC | TCTAGACTAG | TAGACCCTGG | 6510 |
| | CAGGCACTCC | CCCAGATTCT | AGGGCCTGGT | TGCTGCTTCC | CGAGGGCGCC | ATCTGCCCTG | GAGACTCAGC | 6580 |
| | CTGGGGTGCC | ACACTGAGGC | CAGCCCTGTC | TCCACACCCT | CCGCCTCCAG | GCCTCAGCTT | CTCCAGCAGC | 6650 |
| • | TTCCTAAACC | CTGGGTGGGC | CGTGTTCCAG | CGCTACTGTC | TCACCTGTCC | CACTGTGTCT | TGTCTCAGCG | 6720 |
| | ACGTAGCTCG | CACGGTTCCT | CCTCACATGG | GGTGTCTGTC | TCCTTCCCCA | ACACTCACAT | GCGTTGAAGG | 6790 |
| 25 | GAGGAGATTC | TGCGCCTCCC | AGACTGGCTC | CTCTGAGCCT | GAACCTGGCT | CGTGGCCCCC | GATGCAGGTT | 6860 |
| | | GGCTGCACGC | | | | | | |
| | | CTTCTGTTTC | | | | | | |
| | | TAGGCATAGG | | | | | | |
| | | AGTGCCTGTC | | | | | | |
| 30 . | | TCTGCCCAGC | | | | | | |
| | | CTCTTCCCAA | | | | | | |
| | | CGCACATCAT | | | | | | |
| | | AAATCCCTGC | | | | | | |
| | | TCACAGTGAA | | | | | | |
| 35 | | TGCCACCTCC | | | | | | |
| - | | TTAGGGGGGT | | | | | | |
| | | CCTGGTTCTG | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | GGCTGTGCCA | | | | | | |
| 40 | | TCCCCCAAAC | | | | | | |
| 40 | | GAGGTCTGGG | | | | | | |
| | | AGGAGGGTCA | | | | | | |
| | | CCTCGAGCCC | | | | | | |
| | | CAGCAGGAAG | | | | | | |
| 45 | | AGGGCACTCG | | | | | | |
| 45 | | TGTGAATCTA | | | | | | |
| | | GCAAGGGCAG | | | | | | |
| | | GTTATGCTCT | | | | | | |
| | | GTTCAAGCAA | | | | | | |
| 50 | | AATTTTGTAT | | | | | | |
| 50 | | GTGATCCGCC | | | | | | |
| | GGCCTATTTA | ACCATTTTAA | AACTTCCCTG | GGCTCAAGTC | ACACCCACTG | GTAAGGAGTT | CATGGAGTTC | 8680 |
| | | TTACTCAGGA | | | | | | |
| | CGTCTCTTGA | CATATTCACA | GTTTCTGTGA | CCACCTGTTA | TCCCATGGGA | CCCACTGCAG | GGGCAGCTGG | 8820 |
| c c . | | GCTTCAGGTC | | | | | | |
| 55. | | ACTGTCCTGA | | | | | | |
| | CTCCTACTCT | ACTGGGATTG | AGCCCCTTCC | CTATCCCCC | CCAGGGGCAG | AGGAGTTCCT | CTCACTCCTG | 9030 |
| | TGGAGGAAGG | AATGATACTT | TGTTATTTTT | CACTGCTGGT | ACTGAATCCA | CTGTTTCATT | TGTTGGTTTG | 9100 |
| | TTTGTTTTGT | TTTGAGAGGC | GGTTTCACTC | TTGTTGCTCA | GGCTGGAGGG | AGTGCAATGG | CGCGATCTTG | 9170 |
| | | GCCTCTGCCT | | | | | | |
| 60 | | CCACCATGCC | | | | | | |
| | | GGCTGGTCTC | | | | | | |
| | | GTGAGCCACC | | | | | | |
| | | CCACTCAAGT | | | | | | |
| | | TTTACACTGT | | | | | | |
| 65 | | GTCTTCTGGG | | | | | | |
| | | ACTCCAGCAT | | | | | | |
| • | | CTCTGCAGAG | | | | | | |
| | | | | | | | | |
| | | CCTAGTGGCA | | | | | | |
| 70 | CCCCACCCAC | AAGAGCGACC | IGTAATCCTA | AGTATTTACA | AGACGAGGCT | AACCTCCAGC | GAGCGTGACA | 9940 |
| , 0 | CARACTER | GGTGCGAGGC | CIGTTCAAAT | GCTAGCTCCA | TAAATAAAGC | AATTTCCTCC | GGCAGTTTCT | 10010 |
| | | AAGGTTACAT | | | | | | |
| | ATCCCTGCAA | GGCCTCGGGA | GACCCAGAAG | TTTCTCGCCC | CCTTAGATCC | AAACTTGAGC | AACCCGGAGT | 10150 |
| | CTGGATTCCT | GGGAAGTCCT | CAGCTGTCCT | GCGGTTGTGC | CGGGGCCCCA | GGTCTGGAGG | GGACCAGTGG | 10220 |
| 75 | CUGIGIGGCT | TCTACTGCTG | GGCTGGAAGT | CGGGCCTCCT | AGCTCTGCAG | TCCGAGGCTT | GGAGCCAGGT | 10290 |
| 13 | GCCTGGACCC | CGAGGCTGCC | CTCCACCCTG | TGCGGGCGGG | ATGTGACCAG | ATGTTGGCCT | CATCTGCCAG | 10360 |
| | ACAGAGTGCC | GGGGCCCAGG | GTCAAGGCCG | TTGTGGCTGG | TGTGAGGCGC | CCGGTGCGCG | GCCAGCAGGA | 10430 |
| | GCGCCTGGCT | CCATTTCCCA | CCCTTTCTCG | ACGGGACCGC | CCCGGTGGGT | GATTAACAGA | TTTGGGGTGG | 10500 |

| | TTTGCTCATG | GTGGGGACCC | CTCGCCGCCT | GAGAACCTGC | AAAGAGAAAT | GACGGGCCTG | TGTCAAGGAG | 10570 |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------|
| | | | | | | | GGAGCAATGC | |
| | | | | | | | TTCGTGGTGC | |
| _ | CCGGAGCCCG | ACGCCCCGCG | TCCGGACCTG | GAGGCAGCCC | TGGGTCTCCG | GATCAGGCCA | GCGGCCAAAG | 10780 |
| 5 | | | | | | | CACAGCCTAG | |
| | GCCGATTCGA | CCTCTCTCCG | CTGGGGCCCT | CGCTGGCGTC | CCTGCACCCT | GGGAGCGCGA | GCGGCGCGCG | 10920 |
| • | GGCGGGGAAG | CGCGGCCCAG | ACCCCCGGGT | CCGCCCGGAG | CAGCTGCGCT | GTCGGGGCCA | GGCCGGGCTC | 10990 |
| | CCAGTGGATT | CGCGGGCACA | GACGCCCAGG | ACCGCGCTCC | CCACGTGGCG | GAGGGACTGG | GGACCCGGGC | 11060 |
| 10 | ACCCGTCCTG | CCCCTTCACC | TTCCAGCTCC | GCCTCCTCCG | CGCGGACCCC | GCCCCGTCCC | GACCCCTCCC | 11130 |
| 10 | | | | | | | CGCCCTCTCC | |
| | | | | | | | GGCCACCCCC | |
| | | | | | | | GAGGTGCTGC | |
| | | | | | | | ACCCGGCGGC | |
| 15 | TTTCCGCGCG | CTGGTGGCCC | AGTGCCTGGT | GTGCGTGCCC | TGGGACGCAC | GCCCCCCC | CCCCCCCC | 11480 |
| 15 | TCCTTCCGCC | AGGTGGGCCT | CCCCGGGGTC | GGCGTCCGGC | TGGGGTTGAG | GCCGCCCGGG | GGGAACCAGC | 11550 |
| | GACATGCGGA | GAGCAGCGCA | GGCGACTCAG | GGCGCTTCCC | CCGCAGGTGT | CCTGCCTGAA | GGAGCTGGTG | 11620 |
| | GCCCGAGTGC | TGCAGAGGCT | GTGCGAGCGC | GGCGCGAAGA | ACGTGCTGGC | CTTCGGCTTC | GCGCTGCTGG | 11690 |
| | ACGGGGCCCG | CGGGGGCCCC | CCCGAGGCCT | TCACCACCAG | CGTGCGCAGC | TACCTGCCCA | ACACGGTGAC | 11760 |
| 20 | CGACGCACTG | CGGGGGAGCG | GGGCGTGGGG | GCTGCTGCTG | CGCCGCGTGG | GCGACGACGT | GCTGGTTCAC | 11830 |
| 20 | CTGCTGGCAC | GCTGCGCGCT | CTTTGTGCTG | GTGGCTCCCA | GCTGCGCCTA | CCAGGTGTGC | GGGCCGCCGC | 11900 |
| | TGTACCAGCT | CGGCGCTGCC | ACTCAGGCCC | GCCCCCCCC | ACACGCTAGT | GGACCCCGAA | GGCGTCTGGG | 11970 |
| | ATGCGAACGG | GCCTGGAACC | ATAGCGTCAG | GGAGGCCGGG | GTCCCCCTGG | GCCTGCCAGC | CCCGGGTGCG | 12040 |
| | AGGAGGCGCG | GGGGCAGTGC | CAGCCGAAGT | CTGCCGTTGC | CCAAGAGGCC | CAGGCGTGGC | GCTGCCCCTG | 12110 |
| 26 | AGCCGGAGCG | GACGCCCGTT | GGGCAGGGGT | CCTGGGCCCA | CCCGGGCAGG | ACGCGTGGAC | CGAGTGACCG | 12180 |
| 25 | TGGTTTCTGT | GTGGTGTCAC | CTGCCAGACC | CGCCGAAGAA | GCCACCTCTT | TGGAGGGTGC | GCTCTCTGGC | 12250 |
| | ACGCGCCACT | CCCACCCATC | CGTGGGCCGC | CAGCACCACG | CAGGCCCCCC | ATCCACATCG | CGGCCACCAC | 12320 |
| | GTCCCTGGGA | CACGCCTTGT | CCCCCGGTGT | ACGCCGAGAC | CAAGCACTTC | CTCTACTCCT | CAGGCGACAA | 12390 |
| | GGAGCAGCTG | CGGCCCTCCT | TCCTACTCAG | CTCTCTGAGG | CCCAGCCTGA | CTGGCGCTCG | GAGGCTCGTG | 12460 |
| 20 | GAGACCATCT | TTCTGGGTTC | CAGGCCCTGG | ATGCCAGGGA | CTCCCGCAG | GTTGCCCCGC | CTGCCCCAGC | 12530 |
| 30 | GCTACTGGCA | AATGCGGCCC | CTGTTTCTGG | AGCTGCTTGG | GAACCACGCG | CAGTGCCCCT | ACGGGGTGCT | 12600 |
| | CCTCAAGACG | CACTGCCCGC | TGCGAGCTGC | GGTCACCCCA | GCAGCCGGTG | TCTGTGCCCG | GGAGAAGCCC | 12670 |
| | CAGGGCTCTG | TGGCGGCCCC | CGAGGAGGAG | GACACAGACC | CCCGTCGCCT | GGTGCAGCTG | CTCCGCCAGC | 12740 |
| | ACAGCAGCCC | CTGGCAGGTG | TACGGCTTCG | TGCGGGCCTG | CCTGCGCCGG | CTGGTGCCCC | CAGGCCTCTG | 12810 |
| | GGGCTCCAGG | CACAACGAAC | GCCGCTTCCT | CAGGAACACC | AAGAAGTTCA | TCTCCCTGGG | GAAGCATGCC | 12880 |
| 35 | AAGCTCTCGC | TGCAGGAGCT | GACGTGGAAG | ATGAGCGTGC | GGGACTGCGC | TTGGCTGCGC | AGGAGCCCAG | 12950 |
| | | | | | | | AAAAGGGGGC | |
| | AGGCAGAGCC | CTGGTCCTCC | TGTCTCCATC | GTCACGTGGG | CACACGTGGC | TTTTCGCTCA | GGACGTCGAG | 13090 |
| | | | | | | | TTCACCTTCA | |
| | | | | | | | GGCGCGGCAG | |
| 40 | | | | | | | TGCCTGCAGG | |
| | | | | | | | CTCTTCCTGG | |
| | | | | | | | AGATTTAATT | |
| | | | | | | | GGCAGGTGGA | |
| | | | | | | | AAAAATACAA | |
| 45 | | | | | | | GAGAATCACT | |
| | | | | | | | CGACAAGAGT | |
| | | | | | | | GGGAGATAAG | |
| | | | | | | | AGAGGACAGC | |
| | | | | | | | TGGGCCCTGC | |
| 50 | | | | | | | TGGCTCCCAG | |
| | | | | | | | CTCCCAAGAC | |
| | | | | | | | TTTTTTCTTT | |
| | | | | | | | AGTGCAGAAT | |
| | | | | | | | GTCCCTACCC | |
| 55 | ATCGAACGGC | AGCTGCCTCA | CACCTGCTGC | GGCTCAGGTG | GACCACGCCC | AGTCAGATAA | GCGTCATGCA | 14350 |
| | ACCCAGTTTT | CCTTTTTGTG | CTCCAGCTTC | CTTCGTTGAG | GAGAGTTTGA | GTTCTCTGAT | CAGGACTCTG | 14420 |
| | | | | | | | GAGTGAGGCG | |
| | TGGTCCCCGG | GTGTCCCTGT | CACGTGCAGG | GTGAGTGAGG | CETTECCCCC | ACCTCTCCCT | GTCACGTGTA | 14560 |
| | GGGTGAGTGA | GGCGCGGCCC | CCGGGTGTCC | CTGTCCCGTG | CAGCGTGATT | GAGGTGTGGC | CCCCGGGTGT | 14630 |
| 60 | | | | | | | GAGTGAGGCG | |
| | | | | | | | GTCACGTGCA | |
| | GGGTGAGTGA | GCCGCGGTCC | CCGCGTGTCC | CTCTCAGGTG | TAGGGGGGGGG | GGGTGTCCCT | CCCAGGGTGT | 14940 |
| | CCCTGTCACG | TGTAGGGTGA | GTGAGGCACC | GTCCCTGGGT | CTCCCTCCCA | CCTATACCCT | GAGTGAGGCA | 14010 |
| | CTGTCCCCGG | CTCTCCCTCT | CACCTCCACC | CTCACTCACC | GICCCICCCA | CCCTCTCCCCT | CTCAGGTGCA | 14000 |
| 65 | GGGTGAGTGA | CCCCCTCTCC | CTCCCTCTCC | CTCTCTCCTC | TACCCTCACT | CLCCCTCTCT | CCCCAGGTGT | 15050 |
| | CCTTCCCCTT | TECTCACTTE | ACCTTCCTCC | TCAATCTTTC | CTCTTTCTAT | ACCCACACCT | GCGCCGGTTG | 15120 |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | GCTCGGCTCT | |
| | CCCACACCAC | CCACACCETTC | ACCTCCCCTA | CCCTCTCTCTT | GGACTGCAGG | CICTCGCCTC | CCGCGTGCCA | 15200 |
| 70 | ATCCATCOTO | CCACAGCTTC | MCMCCCCCTT. | TOTOTO TOTO | GGCCTGGCTT | GCTCACCACG | TGCCCGCCAC | 12330 |
| 70 | CTCCCATGCTG | CCAATACTCC | TCTCCCAGCT | TGTCTCATGC | CGAGGCTGGA | CTCTGGGCTG | CCTGTGTCTG | 15400 |
| | | | | | | | TCACCCCAGC | |
| | CCCCTCACTT | GTCCTGTTTT | CTCCCAAGCT | GCCCCTCTGC | TTGGCCCCCT | TGGGTGGGTG | GCAACGCTTG | 15540 |
| | | | | | | | CCTCACATGG | |
| 75 | ATTGACGTCC | AGCCACAGGT | TGGAGTGTCT | CTGTCTGTCT | CCTGCTCTGA | GACCCACGTG | GAGGGCCGGT | 15680 |
| 13 | GTCTCCGCCA | GCCTTCGTCA | GACTTCCCTC | TTGGGTCTTA | GTTTTGAATT | TCACTGATTT | ACCTCTGACG | 15750 |
| | | | | | | | TTAGTTTAGT | |
| | CATGCCTTTC | CCTCTAAGTG | CTGCCTTACC | TGCACCCTGT | GTTTTGATGT | GAAGTAATCT | CAACATCAGC | 15890 |
| | | | | | | | | |

CACTITCAAG TGTTCTTAAA ATACTTCAAA GTGTTAATAC TTCTTTTAAG TATTCTTATT CTGTGATTTT 15960 TTTCTTTGTG CACGCTGTGT TTTGACGTGA AATCATTTTG ATATCAGTGA CTTTTAAGTA TTCTTTAGCT 16030 TATTCTGTGA TTTCTTTGAG CAGTGAGTTA TTTGAACACT GTTTATGTTC AAGATATGTA GAGTATCAAG 16100 ATACGTAGAG TATTTTAAGT TATCATTTTA TTATTGATTT CTAACTCAGT TGTGTAGTGG TCTGTATAAT 16170 5 ACCAATTATT TGAAGTTTGC GGAGCCTTGC TTTGTGATCT AGTGTGTGCA TGGTTTCCAG AACTGTCCAT 16240 TGTAAATTTG ACATCCTGTC AATAGTGGGC ATGCATGTTC ACTATATCCA GCTTATTAAG GTCCAGTGCA 16310 AAGCTTCTGT CTCCTTCTAG ATGCATGAAA TTCCAAGAAG GAGGCCATAG TCCCTCACCT GGGGGATGGG 16380 TCTGTTCATT TCTTCTCGTT TGGTAGCATT TATGTGAGGC ATTGTTAGGT GCATGCACGT GGTAGAATTT 16450 TTATCTTCCT GATGAGTGAA TCTTTTGGAG ACTTCTATGT CTCTAGTAAT CTAGTAATTC TTTTTTTAAA 16520 10 TTGCTCTTAG TACTGCCACA CTGGGCTTCT TTTGATTAGT ATTTTCCTGC TGTGTCTGTT TTCTGCCTTT 16590 AATTTATATA TATATATA TTTTTTTTTT TTTTGAGACA GAGTCTTGGT CTGTCGCCCA GGGTGAGTGC 16660 AGTGGTGTGA TCACAGGTCA GTGTAACTTT TACCTTCTGG CCTGAGCCGT CCTCTCACCT CAGCCTCCTG 16730 AGTAGCTGGA ACTGCAGACA CGCACCGCTA CACCTGGCTA ATTTTTAAAT TTTTTCTGGA GACAGGGTCT 16800 TGCTGTGTTG CCCAGGCTGG TCTCAAACTC TTGGACTCAA GGGATCCATC TACCTCGGCT TCCCAAAGTG 16870 CTGAATTACA GGCATGAGCC ACCATGTCTG GCCTAATTTT CAACACTTTT ATATTCTTAT AGTGTGGGTA 16940
TGTCCTGTTA ACAGCATGTA GGTGAATTTC CAATCCAGTC TGACAGTCGT TGTTTAACTG GATAACCTGA 17010 15 TTTATTTCA TTTTTTGTC ACTAGAGACC CGCCTGGTGC ACTCTGATTC TCCACTTGCC TGTTGCATGT 17080 CCTCGTTCCC TTGTTTCTCA CCACCTCTTG GGTTGCCATG TGCGTTTCCT GCCGAGTGTG TGTTGATCCT 17150 CTCGTTGCCT CCTGGTCACT GGGCATTTGC TTTTATTTCT CTTTGCTTAG TGTTACCCCC TGATCTTTTT 17220 20 ATTGTCGTTG TTTGCTTTTG TTTATTGAGA CACTCTCACT CTGTCACCCA GGCTGGAGTG TAATGGCACA 17290 ATCTCGGCTC ACTGCAACCT CTGCCTCCTC GGTTCAAGCA GTTCTCATTC CTCAACCTCA TGAGTAGCTG 17360 GGATTACAGG CGCCCACCAC CACGCCTGGC TAATTTTTGT ATTTTTAGTA GAGATAGGCT TTCACCATGT 17430 TGGCCAGGCT GGTCTCAAAC TCCTGACCTC AAGTGATCTG CCCGCCTTGG CCTCCCACAG TGCTGGGATT 17500 ACAGGTGCAA GCCACCGTGC CCGGCATACC TTGATCTTTT AAAATGAAGT CTGAAACATT GCTACCCTTG 17570 25 TCCTGAGCAA TAAGACCCTT AGTGTATTTT AGCTCTGGCC ACCCCCAGC CTGTGTGCTG TTTTCCCTGC 17640 TGACTTAGTT CTATCTCAGG CATCTTGACA CCCCCACAAG CTAAGCATTA TTAATATTGT TTTCCGTGTT 17710 CTTTACCTGT GCTGGCCTCC ATGGCATCTA GCCACGTCCG GGGACCTCTG CTTATGATGC ACAGATGAAG 17920 ATGTGGAGAC TCACGAGGAG GGCGGTCATC TTGGCCCGTG AGTGTCTGGA GCACCACGTG GCCAGCGTTC 17990 30 CTTAGCCAGT GAGTGACAGC AACGTCCGCT CGGCCTGGGT TCAGCCTGGA AAACCCCAGG CATGTCGGGG 18060 TCTGGTGGCT CCGCGGTGTC GAGTTTGAAA TCGCGCAAAC CTGCGGTGTG GCGCCAGCTC TGACGGTGCT 18130 GCCTGGCGGG GGAGTGTCTG CTTCCTCCCT TCTGCTTGGG AACCAGGACA AAGGATGAGG CTCCGAGCCG 18200 TTGTCGCCCA ACAGGAGCAT GACGTGAGCC ATGTGGATAA TITTAAAATT TCTAGGCTGG GCGCGGTGGC 18270
TCACGCCTGT AATCCCAGCA CTTTGGGAGG CCAAGGCGGG TGGATCACGA GGTCAGGAGG TCGAGACCAT 18340
CCTGGCCAAC ATGATGAAAC CCCATCTGTA CTAAAAACAC AAAAATTAGC TGGGCGTGGT GGCGGGTGCC 18410 35 TGTAATCCCA GCTACTCGGG AGGCTGAGGC AGGAGAATTG CTTGAACCTG GGAGTTGGAA GTTGCAGTGA 18480 AAAAAAAAA AATTCTAGTA GCCACATTAA AAAAGTAAAA AAGAAAAGGT GAAATTAATG TAATAATAGA 18620 40 TTTTACTGAA GCCCAGCATG TCCACACCTC ATCATTTTAG GGTGTTATTG GTGGGAGCAT CACTCACAGG 18690 ACATTTGACA TTTTTTGAGC TTTGTCTGCG GGATCCCGTG TGTAGGTCCC GTGCGTGGCC ATCTCGGCCT 18760
GGACCTGCTG GGCTTCCCAT GGCCATGGCT GTTGTACCAG ATGGTGCAGG TCCGGGATGA GGTCGCCAGG 18830 CCCTCAGTGA GCTGGATGTG CAGTGTCCGG ATGGTGCACG TCTGGGATGA GGTCGCCAGG CCCTGCTGTG 18900 AGCTGGATGT GTGGTGTCTG GATGGTGCAG GTCAGGGGTG AGGTCTCCAG GCCCTCGGTG AGCTGGAGGT 18970 45 ATGGAGTCCG GATGATGCAG GTCCGGGGTG AGGTCGCCAG GCCCTGCTGT GAGCTGGATG TGTGGTGTCT 19040 GGATGGTGCA GGTCAGGGGT GAGGTCTCCA GGCCCTCGGT AAGCTGGAGG TATGGAGTCC GGATGATGCA 19110 GGTCCGGGGT GAGGTCGCCA GGCCCTGCTG TGAGCTGGAT GTGTGGTGTC TGGATGGTGC AGGTCTGGGG 19180 TGAGGTCACC AGGCCCTGCG GTGAGCTGGG TGTGCGGTGT CTGGATGGTG CAGGTCTGGA GTGAGGTCGC 19250
CAGACCGTGC CAGACCATGC GGTGAGCTGG ATATGCGGTG TCCGGATGGT GCAGGTCTGG GGTGAGGTTG 19320 50 CCAGGCCCTG CTGTGAGTTG GATGTGGGGT GTCCGGATGC TGCAGGTCCG GTGTGAGGTC ACCAGGCCCT 19390 GCTGTGAGCT GGATGTGTGG TGTCTGGATG GTGCAGGTCT GGGGTGAAGG TCGCCAGGCC CCTGCTTGTG 19460 AGCTGGATGT GTGGTGTCTG GATGGTGCAG GTCTGGAGTG AGGTCGCCAG GCCCTCGGTG AGCTGGATGT 19530 GCAGTGTCCA GATGGTGCAG GTCCGGGGTG AGGTCGCCAG ACCCTGCGGT GAGCTGGATG TGCGGTGTCT 19600
GGATGGTGCA GGTCTGGAGT GAGGTCGCCA GGCCCTCGGT GAGCTGGATG TATGGAGTCC GGATGGTGCC 19670
GGTCCGGGGT GAGGTCGCCA GACCCTGCTG TGAGCTGGAT GTGCGGTGTC TGGATGGTAC AGGTCTGGAG 19740 55 TGAGGTCGCC AGACCCTGCT GTGAGCTGGA TATGCGGTGT CCGGATGGTG CAGGTCAGGG GTGAGGTCTC 19810 CAGGCCCTCG GTGAGCTGGA GGTATGGAGT CCGGATGATG CAGGTCCGGG GTGAGGTCGC CAGGCCCTGC 19880 TGTGAACTGG ATGTGCGGCG TCTGGATGGT GCAGGTCTGG GGTGTGGTCG CCAGGCCCTC GGTGAGCTGG 19950 AGGTATGGAG TCCGGATGAT GCAGGTCCGG GGTGAGGTCG CCAGGCCCTG CTGTGAGCTG GATGTGCGGC 20020 GTCTGGATGG TGCAGGTCTG GGGTGTGGTC GCCAGGCCCT CGGTGAGCTG GAGGTATGGA GTCCGGATGA 20090
TGCAGGTCCG GGGTGAGGTT GCCAGGCCCT GCTGTGAGCT GGATGTGCTG TATCCGGATG GTGCAGTCCG 20160 60 GGGTGAGGTC GCCAGGCCCT GCTGTGAGCT GGATGTGCTG TATCCGGATG GTGCAGGTCT GGGGTGAGGT 20230 CACCAGGCCC TGCGGTGAGC TGGTTGTGCG GTGTCCGGTT GCTGCAGGTC CGGGGTGAGT TCGCCAGGCC 20300 CTCGGTGAGC TGGATGTCCC GTGTCCCCGT GTCCGGATGG TGCAGGTCCA GGGTGAGGTC GCTAGGCCCT 20370 65 TGGTGGGCTG GATGTGCCGT GTCCGGATGG TGCAGGTCTG GGGTGAGGTC GCCAGGCCTT TGGTGAGCTG 20440 GATGTGCGGT GTCTGCATGG TGCAGGTCTG GGGTGAGGTC GCCAGGCCCT TGGTGGGCCTG GATGTTGGT 20510
GTCCGGATGG TGCAGGTCCG GCGTGAGGTC GCCAGGCCCT GCTTGAGCT GGATGTGCGG TGTCTGGATG 20580
GTGCAGGTCC GGGGTGAGGT AGCCAAGGCC TTCGGTGAGC TGGATGTGGG GTGTCCGGAT GGTGCAGGTC 20650 CGGGGTGAGG TCGCCAGGCC CTGCGGTTAG CTGGATATGC GGTGTCCGGA TGGTGCAGGT CCGGGGTGAG 20720 70 GTCACCAGGC CCTGCGGTTA GCTGGATGTG CGGTGTCTGG ATGGTGCAGG TCCGGGGTGA GGTCGCCAGG 20790 CCCTGCTGTG AGCTGGATGT GCTGTATCCG GATGGTGCAG GTCCGGGGTG AGGTCGCCAG GCCCTGCAGT 20860 GAGCTGGATG TGCTGTATCC GGATGGTGCA GGTCTGGCGT GAGGTCGCCA GGCCCTGCGG TTAGCTGGAT 20930 ATGCGGTGTC GGATGGTGCA GGTCCGGGGT GAGGTCACCA GGCCCTGCGG TTAGCTGGAT GTGCGGTGTC 21000 CGGATGGTGC AGGTCTGGGG TGAGGTCGCC AGGCCCTGCT GTGAGCTGGA TGTGCTGTAT CCGGATGGTG 21070 75 CAGGTCCGGG GTGAGGTCGC CAGGCCCTGC GGTGAGCTGG ATGTGCTGTA TCCGGATGGT GCAGGTCTGG 21140 CGTGAGGTCG CCAGGCCCTG CGGTGAGCTG GATGTGCAGT GTACGGATGG TGCAGGTCCG GGGTGAGGTC 21210 GCCAGGCCCT GCGCTGGGCT GTATGTGTGT TGTCTGGATG GTGCAGGTCC GGGGTGAGTT CGCCAGGCCC 21280

| | TGCGGTGAGC | TGGATGTGTG | GTGTCTGGAT | CCTCCACCTC | CCCCCTCTCT | TCCCC1 CCCC | CBCCCBC1 CC | 21250 |
|---------|---|--------------|--------------|---------------|------------|----------------|-------------|-------|
| | TGGATATGCG | GTGTCCCCCT | CTCCCNATCC | GC1GCAGG1C | CGGGGTGAGT | 1 CGCCAGGCC | CICGGTGAGC | 21350 |
| | CATCTCCCCT | CTCCCCCGI | GTCCGAATGG | TGCAGGTCCA | GGGTGAGGTC | GCCAGGCCCT | TGGTGGGCTG | 21420 |
| | CMCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC | GICCGGAIGG | TGCAGGTCTG | GGGTGAGGTC | GCCAGGCCCT | TGGTGAGCTG | GATGTGCGGT | 21490 |
| 5 | GTCCGGATGG | TGCAGGTCCG | GGGTGAGGTC | ACCAGGCCCT | CGGTGATCTG | GATGTGGCAT | GTCCTTCTCG | 21560 |
| 2 | TTTAAGGGGT | TGGCTGTGTT | CCGGCCGCAG | AGCACCGTCT | GCGTGAGGAG | ATCCTGGCCA | AGTTCCTGCA | 21630 |
| | CTGGCTGATG | AGTGTGTACG | TCGTCGAGCT | GCTCAGGTCT | TTCTTTTATG | TCACGGAGAC | CACGTTTCAA | 21700 |
| | AAGAACAGGC | TCTTTTTCTA | CCGGAAGAGT | GTCTGGAGCA | AGTTGCAAAG | CATTGGAATC | ACCTACTCTA | 21770 |
| | TCCCCACGCC | ACCCCTCTCC | TTCTCGAAGT | CCTCCAACAC | CACCCCCCCC | TCACCATCC | CCTCTCTCT | 21770 |
| | CTTCCCTCTC | CTTCCCTCCC | TOTOGRAGI | #CCCG##C#C | CAGCCCGGCC | 1CAGCA1GCG | CCIGICICCA | 21840 |
| 10 | CITOCCIGIO | TCCCTGGC | TGTGCAGCTC | 1GGGCTGGGA | GCCAGGGGCC | CCGTCACAGG | CCTGGTCCAA | 21910 |
| 10 | GIGGAIICIG | IGCAAGGCTC | TGACTGCCTG | GAGCTCACGT | TCTCTTACTT | GTAAAATCAG | GAGTTTGTGC | 21980 |
| | CAAGTGGTCT | CTAGGGTTTG | TAAAGCAGAA | GGGATTTAAA | TTAGATGGAA | ACACTACCAC | TAGCCTCCTT | 22050 |
| - | GCCTTTCCCT | GGGATGTGGG | TCTGATTCTC | TCTCTCTTTT | TTTTTTCTTT | TTTGAGATGG | AGTCTCACTC | 22120 |
| " | TGTTGCCCAG | GCTGGAGTGC | AGTGGCATAA | TCTTGGCTCA | CTGCAACCTC | CACCTCCTGG | GTTTAAGCGA | 22190 |
| | TTCACCAGCC | TCAGCCTCCT | AAGTAGCTGG | GATTACAGGC | ACCTGCCACC | ACCCCTCCCT | AATTTTTCTA | 22260 |
| 15 | CTTTTAGGAG | AGACGGGGTT | TCACCATGTT | GCCCACCCTC | CTCTCCNACT | CATCACCTCA | CCTCATCCAC | 22230 |
| | CCACCTTGGC | CTCCCAAAGT | GCTGGGTTTA | CACCCTAACC | CACCCTCCCC | ACCCCCCA T | #C#C#### | 22330 |
| | TTCATCCTCT | TCTCTATCAA | TCTTC A ATCT | CAGGCIAAGC | CACCGTGCCC | AGCCCCCGAT | TCTCTTTTAA | 22400 |
| | CCCCLCCIGI | TCTGTATGAA | TCTTCAATCT | ATTGGATTTA | GGTCATGAGA | GGATAAAATC | CCACCCACTT | 22470 |
| | GGCGACTCAC | TGCAGGGAGC | ACCTGTGCAG | GGAGCACCTG | GGGATAGGAG | AGTTCCACCA | TGAGCTAACT | 22540 |
| 20 | TCTAGGTGGC | TGCATTTGAA | TGGCTGTGAG | ATTTTGTCTG | CAATGTTCGG | CTGATGAGAG | TGTGAGATTG | 22610 |
| 20 | TGACAGATTC | AAGCTGGATT | TGCATCAGTG | AGGGACGGGA | GCGCTGGTCT | GGGAGATGCC | AGCCTGGCTG | 22680 |
| | AGCCCAGGCC | ATGGTATTAG | CTTCTCCGTG | TCCCGCCCAG | GCTGACTGTG | GAGGGCTTTA | GTCAGAAGAT | 22750 |
| | CAGGGCTTCC | CCAGCTCCCC | TGCACACTCG | AGTCCCTGGG | CCCCCTTCTC | ACACCCCATC | CCCCAAATCA | 22730 |
| | CCATCTCTCC | PCVCCCVCCT. | GGCAGCAGAC | CTCCTCTCTC | CONTRACTOR | ACACCCCATG | CCCCAAATCA | 22020 |
| • • | CCTCCTCCTC | ACACCA MEMO | COCAGCAGAC | CICGICAGAG | GTAACACAGC | CTCTGGGCTG | GGGACCCCGA | 22890 |
| 25 | CGIGGIGCIG | GGGCCATTIC | CTTGCATCTG | GGGGAGGGTC | AGGGCTTTCC | CTGTGGGAAC | AAGTTAATAC | 22960 |
| 23 | ACAATGCACC | TTACTTAGAC | TTTACACGTA | TTTAATGGTG | TGCGACCCAA | CATGGTCATT | TGACCAGTAT | 23030 |
| | TTTGGAAAGA | ATTTAATTGG | GGTGACCGGA | AGGAGCAGAC | AGACGTGGTG | GTCCCCAAGA | TGCTCCTTGT | 23100 |
| | CACTACTGGG | ACTGTTGTTC | TGCCTGGGGG | GCCTTGGAGG | CCCCTCCTCC | CTGGACAGGG | TACCGTGCCT | 23170 |
| | TTTCTACTCT | GCTGGGCCTG | CGGCCTGCGG | TCAGGGCACC | AGCTCCGGAG | CACCCGCGC | CCCAGTGTCC | 23240 |
| | ACGGAGTGCC | AGGCTGTCAG | CCACAGATGC | CCAGGTCCAG | GTGTGGCCCC | TCCACCCCC | CTCCCCCCAT | 22210 |
| 30 | GGGTGGTTTT | GGGGGDDDDG | GCCAAGGGCA | CACCECECAC | CACACRCCRC | CCCRCARCAC | DIOCCCCCAI | 23310 |
| 50 | CCTCCTTCCC | TC A CCTCCCC | MC2 CC2 CCC | GAGGIGICAG | GAGACTGGTG | GGCTCATGAG | AGCTGATTCT | 23380 |
| | GCICCIIGGC | TGAGCTGCCC | TGAGCAGCCT | CTCCCGCCCT | CTCCATCTGA | AGGGATGTGG | CTCTTTCTAC | 23450 |
| | CTGGGGGTCC | TGCCTGGGGC | CAGCCTTGGG | CTACCCCAGT | GGCTGTACCA | GAGGGACAGG | CATCCTGTGT | 23520 |
| | GGAGGGGCAT | GGGTTCACGT | GGCCCCAGAT | GCAGCCTGGG | ACCAGGCTCC | CTGGTGCTGA | TGGTGGGACA | 23590 |
| 2.5 | GTCACCCTGG | GGGTTGACCG | CCGGACTGGG | CGTCCCCAGG | GTTGACTATA | GGACCAGGTG | TCCAGGTGCC | 23660 |
| 35 | CTGCAAGTAG | AGGGGCTCTC | AGAGGCGTCT | GGCTGGCATG | GGTGGACGTG | GCCCCGGGCA | TGGCCTTCAG | 23730 |
| | CGTGTGCTGC | CGTGGGTGCC | CTGAGCCCTC | ACTGAGTCGG | TEGGGGCTTG | TECETTECEC | TCACCTTCCC | 23800 |
| | CCTAGTCTGT | TETETECETE | AGCAAGCCTC | CTCACCCCCT | CTCTATTCCA | CACACCACTT | CARCACCCTC | 22070 |
| | CACCTCCCCC | ACCTCTCCCA | AGCAGAGGTC | *CCC*CC* | CCCNACCCA | CACAGCACTI | CHACAGOOIG | 230/0 |
| | CACTCCCCTT | CATCCCCAAC | AGCAGAGGIC | AGGCAGCATC | GGGAAGCCAG | GCCCGCCCTG | CTGACGTCCA | 23940 |
| 40 | CACICCGCII | CATCCCCAAG | CCTGACGGC | TGCGGCCGAT | TGTGAACATG | GACTACGTCG | TGGGAGCCAG | 24010 |
| 40 | AACGTTCCGC | AGAGAAAAGA | GGGTGGCTGT | GCTTTGGTTT | AACTTCCTTT | TTAAACAGAA | GTGCGTTTGA | 24080 |
| | GCCCCACATT | TGGTATCAGC | TTAGATGAAG | GGCCCGGAGG | AGGGGCCACG | GGACACAGCC | AGGGCCATGG | 24150 |
| | CACGGCGCCA | ACCCATTTGT | GCGCACAGTG | AGGTGGCCGA | GGTGCCGGTG | CCTCCAGAAA | AGCAGCGTGG | 24220 |
| | GGGTGTAGGG | GGAGCTCCTG | GGGCAGGGAC | AGGCTCTGAG | GACCACAAGA | AGCAGCCGGG | CCAGGGCCTG | 24290 |
| | GATGCAGCAC | GGCCCGAGGT | CCTGGATCCG | TGTCCTGCTG | TGGTGCGCAG | CCTCCGTGCG | CTTCCGCTTA | 24360 |
| 45 | CGGGGCCCGG | GGACCAGGCC | ACGACTGCCA | GGAGCCCACC | GGGCTCTGAG | GATCCTGGAC | CTTGCCCCAC | 24430 |
| | GGCTCCTGCA | CCCCACCCCT | GTGGCTGCGG | TCCCTCCCCT | CACCCCCCCC | TCTC LCC LC L | CTTGCCCCAC | 24500 |
| | ACCTCCACAC | ACCTCTCCCA | TCACCA TCCC | CECECOGI | GACCCCGICA | ICIGAGGAGA | 0101000010 | 24500 |
| | CCMCMCACAG | AGGIGIGGCA | TGAGGATCCC | GIGIGCAACA | CACATGCGGC | CAGGAACCCG | TTTCAAACAG | 245/0 |
| | GGTCTGAGGA | AGCTGGGAGG | GGTTCTAGGT | CCCGGGTCTG | GGTGGCTGGG | GACACTGGGG | AGGGGCTGCT | 24640 |
| 50 | TCTCCCCTGG | GTCCCTATGG | TGGGGTGGGC | ACTTGGCCGG | ATCCACTTTC | CTGACTGTCT | CCCATGCTGT | 24710 |
| 50 | CCCCGCCAGG | CCGAGCGTCT | CACCTCGAGG | GTGAAGGCAC | TGTTCAGCGT | GCTCAACTAC | GAGCGGGCGC | 24780 |
| | GGCGCCCCGG | CCTCCTGGGC | GCCTCTGTGC | TGGGCCTGGA | CGATATCCAC | AGGGCCTGGC | GCACCTTCGT | 24850 |
| | GCTGCGTGTG | CGGGCCCAGG | ACCCGCCGCC | TGAGCTGTAC | TTTGTCAAGG | TGGGTGCCGG | GGACCCCCGT | 24920 |
| | GAGCAGCCCT | GCTGGACCTT | GGGAGTGGCT | GCCTGATTGG | CACCTCATGT | TEGETEGAGE | AGGTACTCCT | 24990 |
| | GGGTGGCCCG | CAGGGAGTGC | AGGTGACCCT | CTCACTCTTC | ACCACACACC | TCCCACCTAC | CCTCCACCCC | 25060 |
| 55 | TTCACCCTTT | CCTCCACCAC | AGCCCCCCI | CTCACIGIIG | AGGACACACC | IGGCACCIAG | GGTGGAGGCC | 25060 |
| <i></i> | CTCAGCCIII | CCTGCAGCAC. | ATGGGGCCGA | CTGTGCACCC | TGACTGCCCG | GGCTCCTATT | CCCAAGGAGG | 25130 |
| | GICCCACTGG | ATTCCAGTTT | CCGTCAGAGA | AGGAACCGCA | ACGGCTCAGC | CACCAGGCCC | CGGTGCCTTG | 25200 |
| | CACCCCAGTC | CTGAGCCAGG | GGTCTCCTGT | CCTGAGGCTC | AGAGAGGGGA | CACAGCCCGC | CCTGCCCTTG | 25270 |
| | GGGTCTGGAG | TGGTGGGGGT | CAGAGAGAGA | GTGGGGGACA | CCGCCAGGCC | AGGCCCTGAG | GGCAGAGGTG | 25340 |
| | ATGTCTGAGT | TTCTGCGTGG | CCACTGTCAG | TCTCCTCCCC | TCCACTCACA | CAGGTGGATG | TGACGGGGGG | 25410 |
| 60 | GTACGACACC | ATCCCCCAGG | ACAGGCTCAC | GGAGGTCATC | CCACCATCA | TCAAACCCCA | CANCACCTAC | 25480 |
| | TGCGTGCGTC | CGTATCCCCT | GGTCCAGAAG | GCCCCCCATC | CCCACCTCCC | CAACCCCTTC | DANCACCIAC | 25550 |
| | TARCCTTCAC | CTCTCATACT | CCTCTCTCCACC | PECECCCC A 10 | GGCACGICCG | CAAGGCCIIC | AAGAGCCACG | 23330 |
| | CACACACACA | GIGIGATAGE | CGTGTCCAGG | AIGIGIGICT | CIGGGATATG | MAIGIGICTA | GAATGCAGTC | 23620 |
| | OFFICIETGA | IGCGTTTCTG | TGGTGGAGGT | ACTTCCATGA | TTTACACATC | TGTGATATGC | GTGTGTGGCA | 25690 |
| 65 | CGTGTGTGTC | GTGGTGCATG | TATCTGTGGC | GTGCATATTT | GTGGTGTGTG | TGTGTGTGGC | ACGTGTGTGT | 25760 |
| 65 | CCATGGTGTG | TGTGCCTGTG | GTGTGCATGT | GTGTGTGTCT | GTGACACGTG | CATGTTCATG | CTGTGTGCTG | 25830 |
| | CATGTCTGTG | ATGTGCCTAT | TTGTGGTGTG | TGTGTGCATG | TGTCCGTGAC | ATATGCGTGT | CTATGGCATG | 25900 |
| | GGTGTGTGTG | GCCCCTTGGC | CTTACTCCTT | CCTCCTCCAG | GCATGGTCCC | CACCATTOTO | CTCACCCTCT | 25970 |
| | CGGGTGCTGG | TTTGGGGAGG | TCCACATTCA | CCCTCCTCAC | TTCTACCATC | CCTCCCCCC | TOTOGOTO! | 25040 |
| | GGGCTCCCC | TTCCACACTC | TARCCCACCO | TTC ACT CCAC | TICINGCAIG | GG I GCCCC I G | ICC ICICACA | 26040 |
| 70 | CCCTCCCACC | CCCACCACCAC | TAAGCCAGGT | LIGAGAGGAG | AGTAGGGATG | CIGGTGGTAC | CITCCTGGAC | 20110 |
| 70 | TOCCIGGCACC | CCCAGGACCC | CAGTCTGGCC | TATGCCGGCT | CCATGAGATA | TAGGAAGGCT | GATTCAGGCC | 26180 |
| | TCGCTCCCCG | GGACACACTC | CTCCCAGAGC | GGCCGGGGGC | CTTGGGGCTC | GGCAGGGGTG | AAAGGGGCCC | 26250 |
| | TGGGCTTGGG | TTCCCACCCA | GTGGTCATGA | GCACGCTGGA | GGGGTAAGCC | CTCAAAGTCG | TGCCAGGCCG | 26320 |
| | GGGTGCAGAG | GTGAAGAAGT | ATCCCTGGAG | CTTCGGTCTG | GGGAGAGGCA | CATGTGGAAA | CCCACAAGGA | 26390 |
| | CCTCTTTCTC | TGACTTCTTG | AGCT | | | | | 26414 |
| 75 | | | | | | | | -0.17 |
| 1.5 | | | | | | | | |

Contig 2:

| | | | GTGGGATAGG | | | | | |
|----|------------|------------|--------------------------|------------|------------|------------|------------|------|
| 5 | | | TTCCTGTAGT | | | | | |
| ٠, | | | CGGGTTTATA | | | | | |
| | | | TCGTGTGGTG | | | | | |
| | | | GATGTGGCCC | | | | | |
| | | | TCTTTCTTTT ATCTTGGCTC | | | | | |
| 10 | | | GAATTATAGG | | | | | |
| 10 | | | GGCCAGGCTG | | | | | |
| | | | CAGGTGTGAA | | | | | |
| | | | CCTGCAGCCT | | | | | |
| _ | | | ACTCTCTTCA | | | | | |
| 15 | | | TTATCGATGG | | | | | |
| | TCCGGCTCCT | TGAAGGAAAA | GTTTCGATTA | TGGATGTTTG | AACTTTCTTT | TCTAAACAAG | CATCTGAAGT | 980 |
| | | | AGGGATCCCG | | | | | |
| | | | GAGGCTAGGT | | | | | |
| 20 | | | GCGGTGCTCA | | | | | |
| 20 | | | TGGGAATCTA | | | | | |
| | | | TCCTGTGGAA | | | | | |
| | | | ACCTGCTTCA | | | | | |
| | | | ATTTCTGTGA GGGAAGGGTG | | | | | |
| 25 | | | TEGATGTGGT | | | | | |
| 23 | | | CACCGTGCGC | | | | | |
| | | | CTGCTCACAT | | | | | |
| | | | AGTCTGCAGA | | | | | |
| | | | GTGGCTGCAC | | | | | |
| 30 | | | TGTGCCACGT | | | | | |
| | | | TCACAGGGGT | | | | | |
| | | | GTCGTGGGGT | | | | | |
| | | | GTCGTGGGGT | | | | | |
| 35 | TGGTGACTGT | GGATGGCAGT | CGTGGGGTCT | GATGTGTGGT | GACTGTGGAT | GGCGGTCGTG | GGGTCTGATG | 2240 |
| 33 | | | CGTGGGGTCT | | | | | |
| | | | GTCGTGGGGT CGGTCGTGGG | | | | | |
| | | | TGATCGGTCA | | | | | |
| | | | TGGATGGTGA | | | | | |
| 40 | | | GTGACTGTGG | | | | | |
| | GATGGCGATC | GGTCACAGGG | GTCTGATGTG | TGGTGACTGT | GGATGGCGGT | CGTGGGGTCT | GATGTGTGGT | 2730 |
| | | | GGGTCTGATG | | | | | |
| | | | GGGTCTGATG | | | | | |
| 45 | GACTGTGGAT | GGCGGTTGGT | CCCGGGGGTC | TGATGTGTGG | TGACTGTGGA | TGGCGGTCGT | GGGGTCTGAT | 2940 |
| 47 | | | TCGTGGGGTC | | | | | |
| | | | GGTCGTGGG GCGGTCGTGG | | | | | |
| | | | GTGATCGGTC | | | | | |
| | | | GTGGATGGCG | | | | | |
| 50 | | | GTGGATGGCG | | | | | |
| | | | GGTGACTGTG | | | | | |
| | | | GTGGTGACTG | | | | | |
| | TGGCGGTCGT | GGGGTCTGAT | GTGGTGACTG | TGGATGGTGA | TCGGTCACAG | GGGTCTGATG | TGTGGTAGCT | 3570 |
| | GCAGGTGGAG | TCCCAGGTGT | GTCTGTAGCT | ACTTTGCGTC | CTCGGCCCCC | CGGCCCCCGT | TTCCCAAACA | 3640 |
| 55 | GAAGCTTCCC | AGGCGCTCTC | TGGGCTTCAT | CCCGCCATCG | GGCTTGGCCG | CAGGTCCACA | CGTCCTGATC | 3710 |
| | | | TCTGGCCGGG | | | | | |
| | | | CTCCAGCCGT | | | | | |
| | | | TCGAGCAGGT | | | | | |
| 60 | | | TCACTGGGCT | | | | | |
| 00 | | | ATGATGAGCT | | | | | |
| | | | CACCTGCTCA TCTTCTCTGC | | | | | |
| | | | TTGAGCCGTG | | | | | |
| | | | TAGGAGGACG | | | | | |
| 65 | | | CCCTGTGGCC | | | | | |
| | | | TGCTCGGCTC | | | | | |
| | | | CCCAGGGTGG | | | | | |
| | | | TCCTGGATCA | | | | | |
| 70 | CCCAGCTGGA | CCCACAGGTG | GCCCAGAGGA | GACGTTCTGT | GTCACACACT | CTGCCTAAGC | CCATGTGTGT | 4690 |
| 70 | | | CAGCCCACGA | | | | | |
| | | | GAGGGTCTTG | | | | | |
| | | | TTTCGCAGAG | | | | | |
| | | | CCACGCCGTG | | | | | |
| | CCCIGCGGT | GGCTGGGCGG | GCTGGCAGGG | CITCIGCTCA | CCTCTCTCCT | GCCCC11CCC | CACIONCETT | 5040 |

CTGCCCGGGG CCACCAGAGT CTCCTTTTCT GGCCCCCGCC CCCTCCGGCT CCTGGGCTGC AGGCTCCCGA 5110 GGCCCCGGAA ACATGGCTCG GCTTGCGGCA GCCGGAGCGG AGCAGGTGCC ACACGAGGCC TGGAAATGGC 5180 AAGCGGGGTG TGGAGTTGCT CCTGCGTGGA GGACGAGGGG CGGGGGGTGT GTCTGGGTCA GGTGTGCGCC 5250 GAGCGTTTGA GCCTGCAGCT TGTCAGCTCC AAGTTACTAC TGACGCTGGA CACCCGGCTC TCACACGCTT 5320 GTATCTCTCT CTCCCGATAC AAAAGGATTT TATCCGATTC TCATTCCTGT CCCTGTCGTG TGACCCCCGC 5390 5 GAGGGCGCG GCTCTTCTCT CTGTGACTAG ATTTCCCATC TGGAAAGTGC GGGGTTGACC GTGTAGTTTG 5460 CTCCTCTCGG GGGGCCTGTG GTGGCCATGG GGCAGGCGGC CTGGGAGAGC TGCCGTCACA CAGCCACTGG 5530 GTGAGCCACA CTCACGGTGG TAGAGCCACA GTGCCTGGTG CCACATCACG TCCTCTGGAT TTTAAGTAAA 5600 ACCACACACC TCCCGGCAGG CATCTGCCTG CGACCCTGTG TGTGCCTGGG GAGAGTGGTA GCACGGAGGA 5670 10 AATTCGTGCA CACTCAAGGT CATCAGCAAG GTCATCCGCA GTCAGGTGGA ACGTGGAGGC CTCTCTCTGG 5740 GATCGTCTCC AGCGGATAAA GGACTGTGCA CAGCTTCGGA AGCTTTTATT TAAAAATATA ACTATTAATT 5810 ATTGCATTAT AAGTAATCAC TAATGGTATC AGCAATTATA ATATTTATTA AAGTATAATT AGAAATATTA 5880 AGTAGTACAC ACGTTCTGGA AAAACACAAA TTGCACATGG CAGCAGAGTG AATTTTGGCC GAGGGACACG 5950 TGTGCACATG TGTGTAAGCG GCCCCAGGC CCACAGAATT CGCTGACAAA GTCACCTCCC CAGAGAAGCC 6020 15 ACCACGGGCC TCCTTCGTGG TCGTGAATTT TATTAAGATG GATCAAGTCA CGTACCGTCC ACGTGTGGCA 6090
GGGCTTTGGG GAATGTGAGG TGATGACTGC GTCCTCATGC CCTGACAGAC AGGAGGTGAC TGTGTCTGTC 6160
CTGTCCCTAG GACACGGACA GGCCCGAAGC TCTAGTCCCC ATCGTGGTCC AGTTTGGCCT CTGAATAAAA 6230
ACGTCTTCAA AACCTGTTGC CCCAAAAACT AAGAACAGAG AGAGTTTCCC ATCCCATGTG CTCACAGGGG 6300 CGTATCTGCT TGCGTTGACT CGCTGGGCTG GCCGGACTCC TAGAGTTGGT GCGTGTGCTT CTGTGCAAAA 6370 20 AGTGCAGTCC TCTTGCCCAT CACTGTGATA TCTGCACCAG CAAGGAAAGC CTCTTTTCTT TTCTTTTT 6440 TTTTTTTTT GAGACGGAAC GTCACTGTTG TCTGCCTGGG CTTGAGTGCA GTGGCGCGAT CTCAACTCAC 6510 TGCAACCTCC GCCTCCCGGG TTCCAGCATT TCTCCTGCCT CAGCCTCCCG AGCAGCTGAG ATTACAGGCA 6580
CCCACCCCCT GCGCCTGGCT AATTTTTGTA TTTTTAGTAG AGAGGGGTTT TTGCCATGTT GGCCAGGCTG 6650 GTCTCGAACT CCTGACCTCA GGTGATCCAC CCACCTCGGC CTCCCAAAGT GCTGGGATTA CAGGTGTGAG 6720 CCATCACGCC CAGCCGGAAA GCCTCTTTTT AAGGTGACCA CCTATAGCGC TTCCCGAAAA TAACAGGTCT 6790 25 TGTTTTTGCA GTAGGCTGCA AGCGTCTCTT AGCAACAGGA GTGGCGTCCT GTGGGCTCTG GGGATGGCTG 6860 AGGGTCGCGT GGCAGCCATG CCTTCTGTGT GCACCTTTAG GTTCCACGGG GCTATTCTGC TCTCACTGTT 6930 TGTCTGAAAA CGCACCCTTG GCATCCTTGT TTGGAGAGTT TCTGCTTCTC GTTGGTCATG CTGAAACTAG 7000 GGGCAAGGTT GTATCCGTTG GCGCGCAGCG GCTACATGTA GGGTCATGAG TCTTTCACCG TGGACAAATT 7070 CCTTGAAAAA AAAAAAAGGA GTCCGGTTAA GCATTCATTC CGGGTCAAGT GTCTGGTTCT GTGAATAAAC 7140 30 TCTAAGATTT AAGAAACCTT AATGAAAGAA AACCTTGATG ATTCAGAGCA AGGATGTGGT CACACCTGTG 7210 GCTGGATCTG TTTCAGCCGC CCCAGTGCAT GGTGAGAGTG GGGAGCAGGG ATTGTTTGTT CAGAGGTCTC 7280 ATCTGGTATG TTTCTGAGGT GTTTGCCGGC TGAATGGTAG ACGTGTCGTT TGTGTGTATG AGGTTCTGTG 7350 TCTGTGTGTG GCTCGGTTTG AGTGTACGCA TGTCCAGCAC ATGCCCTGCC CGTCTCTCAC CTGTGTCTTC 7420 35 CCGCCCAGG TCCTACGTCC AGTGCCAGGG GATCCCGCAG GGCTCCATCC TCTCCACGCT GCTCTGCAGC 7490 CTGTGCTACG GCGACATGGA GAACAAGCTG TTTGCGGGGGA TTCGGCGGGA CGGGTGAGGC CTCCTCTTCC 7560 CCAGGGGGGC TTGGGTGGGG GTTGATTTGC TTTTGATGCA TTCAGTGTTA ATATTCCTGG TGCTCTGGAG 7630 ACCATGACTG CTCTGTCTTG AGGAACCAGA CAAGGTTGCA TCCCCTTCTT GGTATGAAGC CGCACGGAG 7700
GGGTTGCACA GCCTGAGGAC TGCGGGCTCC ACGCAGGCTC TGTCCAGCGG CCATGTCCAG AGGCCTCAGG 7770
GCTCAGCAGG CGGGAGGGCC GCTGCCCTGC ATGATGAGCA TGTGAATTCA ACACCGAGGA AGCACACCAG 7840 40 CTTCTGTCAC GTCACCCAGG TTCCGTTAGG GTCCTTGGGG AGATGGGGCT GGTGCAGCCT GAGGCCCCAC 7910 ATCTCCCAGC AGGCCCTCGA CAGGTGGCCT GGACTGGGCG CCTCTTCAGC CCATTGCCCA TCCCACTTGC 7980 ATGGGGTCTA CACCCAAGGA CGCACACAC TAAATATCGT GCCAACCTAA TGTGGTTCAA CTCAGCTGGC 8050 TTTTATTGAC AGCAGTTACT TTTTTTTTT TAATACTTTA AGTTCTAGGG TACATGTGCA CGACGTGCAG 8120 45 CTGTGTCCAA GTGTTCTCAT TGTTCAGTTC CCACCTGTGA GTGAGAACAT GTGGTGTTTG GTTTTCTTTC 8330 CTTGCAATAG TTTGCTCAGA GTGATGGTTT CCAGCTTCGT CCATGTCCCT ACAAAGGACA TGAACTCATC 8400 CTTTTTTATG ACTGCATAGT ATTCCGTGGT GTATATGTGC CACATTTTCT TAATCCAGTC TATCATCGAT 8470 50 GGACATTTGG GTTGGTTGCA AGTCTTTGCT ACTGTGAATA GTGCCGCAAT AAACATACGT GTGCATGTGT 8540 CTTTATAGCA GCATGATTTA TAATCCTTTG GGTATATACC CAGTAATGGG ATGGCTGGGT CAAATGGTAT 8610 TTCTAGTTCT AGATCCTTGA GGAATCACCA CACTGTCTTC CACAATGGTT GAACTAGTTT ACACTCCCAC 8680 CAACAGTGTA AAAGTGTTCT GGTGCTGGAG AGGATGTGGA CAGCAGTTAT TTTTTTATGA AAATAGTATC 8750 ACTGAACAAG CAGACAGTTA GTGAAGGATG CGTCAGGAAG CCTGCAGGCC ACACAGCCAT TTCTCTCGAA 8820 55 GACTCCGGGT TTTTCCTGTG CATCTTTGA AACTCTAGCT CCAATTATAG CATGTACAGT GGATCAAGGT 8890 TCTTCTTCAT TAAGGTTCAA GTTCTAGATT GAAATAAGTT TATGTAACAG AAACAAAAAT TTCTTGTACA 8960 CACAACTTGC TCTGGGATTT GGAGGAAAGT GTCCTCGAGC TGGCGGCACA CTGGTCAGCC CTCTGGGACA 9030 GGATACCTCT GGCCCATGGT CATGGGGCGC TGGGCTTGGG CCTGAGGGTC ACACAGTGCA CCATGCCCAG 9100 CTTCCTGTGG ATAGGATCTG GGTCTCGGAT CATGCTGAGG ACCACAGCTG CCATGCTGGT AAAGGGCACC 9170 ACGTGGCTCA GAGGGGGCGA GGTTCCCAGC CCCAGCTTTC TTACCGTCTT CAGTTATTTT TCCCTAAGAG 9240 60 TCTGAGAAGT GGGGCCGCC CTGATGGCCT TCGTTCGTCT TCAGCTGGCA CAGAATTGCA CAAGCTGATG 9310 GTAAACACTG AGTACTTATA ATGAATGAGG AATTGCTGTA GCAGTTAACT GTAGAGAGCT CGTCTGTTGG 9380 AAAGAAATTT AAGTTTTTCA TTTAACCGCT TTGGAGAATG TTACTTTATT TATGGCTGTG TAAATTGTTT 9450 GACATTCAGT CCCTCGTAGA CAGATACTAC GTAAAAAGTG TAAAGTTAAC CTTGCTGTGT ATTTTCCCTT 9520 ATTTTAGGCT GCTCCTGCGT TTGGTGGATG ATTTCTTGTT GGTGACACCT CACCTCACCC ACGCGAAAAC 9590 65 CTTCCTCAGG TGAGGCCCGT GCCGTGTGTC TGTGGGGACC TCCACAGCCT GTGGGCTTTG CAGTTGAGCC 9660 CCCCGTGTCC TGCCCCTGGC ACCGCAGCGT TGTCTCTGCC AAGTCCTCTC TCTCTGCCGG TGCTGGATCC 9730 GCAAGAGCAG AGGCGCTTGG CCGTGCACCC AGGCCTGGGG GCGCAGGGGC ACCTTCGGGA GGGAGTGGGT 9800 ACCGTGCAGG CCCTGGTCCT GCAGAGACGC ACCCAGGTTA CACACGTGGT GAGTGCAGGC GGTGACCTGG 9870 70 CTCCTGCTGC TCTTTGGAAA GTCAAGAGTG GCGGCTCCTG GGGCCCCCAG GAGACCCCCA GGAGCTGTGC 9940
ACAGGGCCTG CAGGGCCGAG GCGGCAGCCT CCTCCCCAGG GTGCACCTGA GCCTGCGGAG AGCAGGAGCT 10010
GCTGAGTGAG CTGGCCCACA GCGTTCGCTG CGGTCACGTT CCTGCGTGGG GTTGTTTGGG ATCGGTGGGA 10080 GAATTTGGAT TTGCTGAGTG CTGCTGTCTT GAACCACGGA GATGGCTAGG AGTGGGTTTC AGAGTTGATT 10150 TTTGTGAATC AAACTAAAAT CAGGCACAGG GGACCTGGCC TCAGCACAGG GGATTGTCCA ATGTGGTCCC 10220 75 CCTCAAGGGC GCCCCACAGA GCCGGTGGGC TTGTTTTAAA GTGCGATTTG ACGAGGGACG AGAAACCTTG 10290 AAAGCTGTAA AGGGAACCCT CAGAAAATGT GGCCGCCAGG GGTGGTTTCA GGTGCTTTGC TGGGCTGTGT 10360 TTGTGAAAAC CCATTTGGAC CCGCCCTCCA AGTCCACCCT CCAGGTCCAC CCTCCAGGGC CGCCCTGGGC 10430

| | TGGGGGTATG | CCTGGCGTTC | CTTGTGCCGC | AGCCCGGAGC | ACAGCAGGCT | GTGCACATTT | AAATCCACTA | 10500 |
|-----------|------------|--------------|-------------|------------|-------------|------------|--------------------------|-------|
| | AGATTCACTC | GGGGGGAGCC | CAGGTCCCAA | GCAACTGAGG | GCTCAGGAGT | CCTGAGGCTG | CTGAGGGGAC | 10570 |
| | AGAGCAGACG | GGGAACGCTG | CTTCTGTGTG | GCAAGTTCCT | GAGGGTGCTG | GCCAGGGAGG | TGGCTCAGAG | 10640 |
| _ | TGTATGTTGG | GGTCCCACCG | GGGGCAGAAC | TCTGTCTCTG | ATGAGTCGGC | AGCCATGTAA | CAGGAAGGGG | 10710 |
| 5 | TGGCCACAGG | GAGCTGGGAA | TGCACCAGGG | GAGCTGCGCA | GCTGGCCGAG | GTCCCAGGGC | CAGGCCACAG | 10780 |
| _ | GAAGGCAGG | GGGACGCCCG | GGGCCACAGC | AGAGGCCGCA | GGAAGGGAAG | GGGATGCCCA | GGCCAGAGCA | 10850 |
| | GAGGCTACCG | GGCACAGGGG | GGCTCCCTGA | GCTGGGTGAG | CGAGGCTCAT | GACTCGGCGA | GGGAACCTCC | 10920 |
| | | | | | | | AGCAGGAACT | |
| 10 | | | | | | | GGCAAAGTCG | |
| 10 | | | | | | | CCCCGGACCA | |
| | | | | | | | AGAGGCCACT | |
| 7: | GGGGCTGCAC | CTCCCATCTG | AGTCCTGGCT | GTCCCGGGTC | CAGGCCAGGT | TCTTGCATGC | TCACCTACCT | 11270 |
| | GTCCTGCCCG | GGAGACAGGG | AAAGCACCCC | GAAGTCTGGA | GCAGGGCTGG | GTCCAGGCTC | CTCAGAGCTC | 11340 |
| 15 | | | | | | | ACAAGGGTGT | |
| 15 | CAGGTTACCT | CCTGGGTGAC | GGCCCCGCAT | CCTGGGGCTG | ACATTGCCCC | TCTGCCTTAG | GACCCTGGTC | 11480 |
| | CGAGGTGTCC | CTGAGTATGG | CTGCGTGGTG | AACTTGCGGA | AGACAGTGGT | GAACTTCCCT | GTAGAAGACG | 11550 |
| | AGGCCCTGGG | TGGCACGGCT | TTTGTTCAGA | TGCCGGCCCA | CGGCCTATTC | CCCTGGTGCG | GCCTGCTGCT | 11620 |
| | GGATACCCGG | ACCCTGGAGG | TGCAGAGCGA | CTACTCCAGG | TGAGCGCACC | TGGCCGGAAG | TGGAGCCTGT | 11690 |
| 20 | GCCCGGCTGG | GGCAGGTGCT | GCTGCAGGGC | CGTTGCGTCC | ACCTCTGCTT | CCGTGTGGGG | CAGGCGACTG | 11760 |
| 20 | CCAATCCCAA | AGGGTCAGAG | GCCACAGGGT | GCCCCTCGTC | CCATCTGGGG | CTGAGCAGAA | ATGCATCTTT | 11830 |
| | | | | | | | ATGGTGCACC | |
| | | | | | | | GGCCCTGCTG | |
| | GGCGTGAGTC | TCTCAAACCC | GAACACAGGG | GCCCTGCTGG | GCATGAGTCC | CTCTGAACCC | GAGACCCTGG | 12040 |
| . 25 | GGCCCTGCTG | GGCGTGAGTC | TCTCCGAACC | CAGAGACTTC | AGGGCCCTTT | TGGGCGTGAG | TCTCTCCGCT | 12110 |
| , 23 | GTGAGCCCCA | CACTCCAAGG | CTCATCCACA | GTCTACAGGA | TGCCATGAGT | TCATGATCAC | GTGTGACCCA | 12180 |
| | TCAGGGGACA | GGGCCATGGT | GTGGGGGGG | TCTCTACAAA | ATTCTGGGGT | CTTGTTTCCC | CAGAGCCCGA | 12250 |
| | | | | | | | AAATCTGTGC | |
| | TGTTTCTTTT | ATGAATAAAA | AGTATCAACA | TTCCAGGCAG | GGCAAGGTGG | CTCACACCTA | TAATCCCAGC | 12390 |
| 30 | | | | | | | AACATAGTGA | |
| ٥ڊ | AATTCCATTT | CTACTTAAAA | AATACAAAAA | TTAGCCTGGC | CTGGTGGCAC | ACGCCTGTAG | TCCCCGCTAT | 12530 |
| | GCGGGAGGCT | GAGGCAGGAG | AATCATTTGA | ACCCAGGAGG | CAGAGGTTGC | AGTGAGCCGA | GATCACACCA | 12600 |
| | CTGCACTCCA | GCCTGGGCAA | CAGAGTGAGA | CTTCATCTTA | AAAAAAAAA | AAAAAGTATC | AGCATTCCAA | 12670 |
| | AACCATAGTG | GACAGGTGTT | TTTTTATTCT | GTCCTTCGAT | AATATTTACT | GGTGCTGTGC | TAGAGGCCGG | 12740 |
| 35 | AACTGGGGGT | GCCTTCCTCT | GAAAGGCACA | CCTTCATGGG | AAGAGAAATA | AGTGGTGAAT | GGTTGTTAAA | 12810 |
| 55 | | | | | | | TCTTTCCAGA | |
| | | | | | | | AGCAGCAGGT | |
| | | | | | | | ATGTCCCTGT | |
| : | | | | | | | CTCACAGCCT | |
| 40 | | | | | | | GCACCTCTTC | |
| -TU | | | | | | | TTATTTTGCT | |
| | TTCARCARCA | DIGIATITIT | AGGACAGGCA | CCCCIGGIIC | CAGCCTCTGG | CACAGCATCA | GTGAATGTTA | 13300 |
| | | | | | | | AAGCCACAGA | |
| | | | | | | | TGTGCTCCCA | |
| 45 | | | | | | | CAGTGGTTCG | |
| 45 | AACAAAACAC | CCNANATCAT | TARCARAGE | CARABACCEA | I ACAGCAGAG | CCTTGAAGGG | CATCTGGGAG TCTTGTCCAG | 13560 |
| | | | | | | | | |
| | | | | | | | CAATAGAACA AAAGAGAGTG | |
| | TOTOTOTA | TTTTTTTTTTT | CACARACGIGI | DITAMIGIGG | 1ATGIGGCAC | AGCIGATGGA | AMAGAGAGIG | 13/90 |
| 50 | ACCACATECE | DCCTDCDDCD | GAGAAAACIG | ACIGGAAGCA | AATAAGTIGT | GTCTTTACAG | CATATACCAG | 13850 |
| 50 | ACCCARCCCA | AGG I AGAAGA | GGAGACACAI | GCAAACAACA | CCAGCAACAG | AAATAAAACA | AAAGACTCAA | 13930 |
| • | | | | | | | TGAAACCAGT | |
| | | | | | | | TGGCCATTCC | |
| | | | | | | | TCTCACTTTG | |
| 55 | | | | | | | CACCCAGCTG GACCCCACAC | |
| <i>JJ</i> | | | | | | | | |
| | | | | | | | AAAGAAGAAA | |
| | ACACCCATCC | CTCARACACIT | CCCACCTCAA | TACCAGCAGC | GICAAAGAAA | TGCATGTGAA | ACTGACAGCG | 14420 |
| | TTTTCTCCCC | TTCCCAAAGAAA | CCACGIGAA | ACTUATUGCU | AGACCTGTCC | CCATCCCTCA | TGCTGGCTCC | 14490 |
| 60 | | | | | | | AAGCAGCTTG | |
| 00 | | | | | | | CAGACATTAT | |
| | | | | | | | GAACCTGCCC | |
| | MAATACAGGG | CTAAGGAGAT | ATTATGCATC | ACAAAACTTG | CTCTGCCATT | AAACATTTTT | CAAAGAATTT | 14//0 |
| | | | | | | | GTAAAAGAAC | |
| 65 | | | | | | | GGCAGTGAGT | |
| 05 | | | | | | | ATGTGTGCCA | |
| | | | | | | | AAACACAGTG | |
| | | | | | | | CTCGAGGGAC | |
| | | | | | | | CATCAGGGCA | |
| 70 | | | | | | | GTCCTGGTGG | |
| 10 | | | | | | | AGCCCCCTCG | |
| | | | | | | | AGCAAGCTTT | |
| | | | | | | | CTATGCCCGG | |
| • | | | | | | | CGCAAACTCT | |
| 75 | | | | | | | TGGTCAGCAC | |
| 15 | | | | | | | TGCAAGGCTG | |
| | ATGUTGACTG | GCTGCACGTA | AGAGTGCACA | TGTACGCATA | TACACGTGAG | CACATACATG | TGTGCATGTG | 15750 |
| | IGTACATGAA | GGCATGGCAG | TGTGTGCACA | GGTGTGCAAG | GCACAAGTG | TGTGCACATG | CGAATGCACA | 15820 |

CCTGACATGC ATGTGTGTTC GTGCACAGTC GTGTGGGCAT TCACGTGAGG TGCATGCGTG TGGGTGTGCA 15890 GTGTGAGTAG CATGTGTGCA CATAACATGT ATTGAGGGGT CCTCGTGTTC ACCCCGCTAG GTCCTCAGCA 15960 CCAGTGCCAC TCCTTACAGG ATGAGACGGG GTCCCAGGCC TTGGTGGGCT GAGGCTCTGA AGCTGCAGCC 16030 CTGAGGGCAT TGTCCCATCT GGGCATCGGC GTCCACTCCC TCTCCTGTGG GCTTCTGTGT CCACTCCCC 16100 5 TCTCCTGTGG GCATTTACAT CCACTCCACT CCCTCTCTC TGTGGGCATC CGCGTCCACT CCCCCTCTCT 16170 GTGGGCATCT GCGTCCACCT CCCCTCTCTG TGGGCATTTG CGTCCACTCC CTCTCCTGGT TCCTTCCTGT 16240
CTTGGCCGAG CCTCGGGGGC AGGCAGATGA CACAGAGTCT TGACTCGCCC AGGGTGGTTC GCAGCTGCCG 16310
GGTGAGGGCC AGGCCGGATT TCACTGGGAA GAGGGATAGT TTCTTGTCAA AATGTTCCTC TTTCTTGTTC 16380
CATCTGAATG GATGATAAAG CAAAAAGTAA AAACTTAAAA TCCCAGAGAG GTTTCTACCG TTCTCACTC 16450 TTTCTTGGCG ACTCTAGGTG AACAGCCTCC AGACGGTGTG CACCAACATC TACAAGATCC TCCTGCTGCA 16520
GGCGTACAGG TGAGCCGCCA CCAAGGGGTG CAGGCCCAGC CTCCAGGGAC CCTCCGCGCT CTGCTCACCT 16590 10 CTGACCCGGG GCTTCACCTT GGAACTCCTG GGTTTTAGGG GCAAGGAATG TCTTACGTTT TCAGTGGTGC 16660 TGCTGCCTGT GCACAGTTCT GTTCGCGTGG CTCTGTGCAA AGCACCTGTT CTCCATCTCT GGGTAGTGGT 16730 AGGAGCCGGT GTGGCCCCAG GTGTCCCCAC TGTGCCTGTG CACTGGCCGT GGGACGTCAT GGAGGCCATC 16800 15 CCAGGGCAGC AGGGGCATGG GGTAAAGAGA TGTTTATGGG GAGTCTTAGC AGAGGAGGCT GGGAAGGTGT 16870 CTGAACAGTA GATGGGAGAT CAGATGCCCG GAGGATTTGG GGTCTCAGCA AAGAGGGCCG AGGTGGGTGC 16940 AGGTGAGGGT CGCTGGCCCC ACCCCCGGGA AGGTGCAGCA GAGCTGTGGC TCCCCACACA GCCCGGCCAG 17010
CACCTGTGCT CTGGGCATGG CTGTGCTCCT GGAACGTTCC CTGTCCTGGC TGGTCAGGGG GTGCCCCTGC 17080 CAAGAATCGA CAACTTTATC ACAGAGGGAA GGGCCAATCT GTGGAGGCCA CAGGGCCAGC TTCTGCCTGG 17150 20 AGTCAGGGCA GGTGGTGGCA CAAGCCTCGG GGCTGTACCA AAGGGCAGTC GGGCACCACA GGCCCGGGCC 17220 TCCACCTCAA CAGGCCTCCC GAGCCACTGG GAGCTGAATG CCAGGAGGCC GAAGCCCTCG CCCCATGAGG 17290 GCTGAGAAGG AGTGTGAGCA TTTGTGTTAC CCAGGGCCGA GGCTGCGCGA ATTACCGTGC ACACTTGATG 17360 TGAAATGAGG TCGTCGTCTA TCGTGGAAAC CCAGCAAGGG CTCACGGGAG AGTTTTCCAT TACAAGGTCG 17430 TACCATGAAA ATGGTTTTTA ACCCGAGTGC TTGCGCCTTC ATGCTCTGGC AGGGAGGGCA GAGCCACAGC 17500 25 TGCATGTTAC CGCCTTTGCA CCAGCTCCAG AGGCTTGGGA CCAGGCTGTC TCAGTTCCAG GGTGCGTCCG 17570
GCTCAGACCG CCCTCCTCT TGCCTTCTC TCTCTGCCTCA AATCTTCCCT CGTTTGCATC TCCCTGACGC 17640 GTGCCTGGGC CCTCGTGCAA GCTGCTTGAC TCCTTTCCGG AAACCCTTGG GGTGTGCTGG ATACAGGTGC 17710 CACTGAGGAC TGGAGGTGTC TGACACTGTG GTTGACCCCA GGGTCCAGCT GGCGTGCTTG GGGCCTCCTT 17780 GGGCCATGAT GAGGTCAGAG GAGTTTTCCC AGGTGAAAAC TCCTGGGAAA CTCCCAGGGC CATGTGACCT 17850 GCCACCTGCT CCTCCCATAT TCAGCTCAGT CTTGTCCTCA TTTCCCCACC AGGGTCTCTA GCTCCGAGGA 17920 30 GCTCCCGTAG AGGGCCTGGG CTCAGGGCAG GGCGGCTGAG TTTCCCCACC CATGTGGGGA CCCTTGGGTA 17990 GTCGCTTGAT TGGGTAGCCC TGAGGAGGCC GAGATGCGAT GGGCCACGGG CCGTTTCCAA ACACAGAGTC 18060 AGGCACGTGG AAGGCCCAGG AATCCCCTTC CCTCGAGGCA GGAGTGGGAG AACGGAGAGC TGGGCCCCGA 18130 TTTCACGGCA GCCAGGCTGC AGTGGGCGAG GCTGTGGTGG TCCACGTGGC GCTGGGGGGG GGGTCTGATT 18200 CANATCCGCT GGGGCTCGGC CTTCCTGGCC CGTGCTGGCC GCGCCTCCAC ACGGGCTTGG GGTGGACGCC 18270 35 CCGACCTCTA GCAGGTGGCT ATTTCTCCCT TTGGAAGAGA GCCCCTCACC CATGCTAGGT GTTTCCCTC 18340
TGGGTCAGGA GCGTGGCCGT GTGGCAACCC CGGGACCTTA GGCTTATTTA TTTGTTTAAA AACATTCTG 18410 GCCTGGCTTC CGTTGTTGCT AAATGGGGAA AAGACATCCC ACCTCAGCAG AGTTACTGAG AGGCTGAAAC 18480 CGGGGTGCTG GCTTGACTGG TGTGATCTCA GGTCATTCCA GAAGTGGCTC AGGAAGTCAG TGAGACCAGG 18550 40 TACATGGGGG GCTCAGGCAG TGGGTGAGAT GAGGTACACG GGGGGCTCAG GCAGTGGGTG AGGCCAGGTA 18620 CATGGGGGGC TCAGGCACTG GGTGAGATGA GGTACACGGG GGGCTCAGGC AGAGGGTCAG ACCAGGTACA 18690 CGGGGGCTCT GATCACACGC ACATATGAGC ACATGTGCAC ATGTGCTGTT TCATGGTAGC CAGGTCTGTG 18760 CACACCTGCC CCAAAGTCCC AGGAAGCTGA GAGGCCAAAG ATGGAGGCTG ACAGGGCTGG CGCGGTGGCT 18830 CACACCTGTA GTCCCAGCAC TTTGGGAGGC CGAGGCGAGA GGATCCCTTG AGCCCAGGAG TTTAAGACCA 18900 45 GCCTGAGCAA CATAGTAGAA CCCCATCTCT ATGAAAAATA AAAACAAAAA TTAGCTGAAC ATGGTGGTGT 18970 GCGCCTGTAG TTCCAATACT TGGGAGGCTG AAGTGGGAGG ATCACTTGAG CCCAGGAGGT GGAAGCTGCA 19040 GTGAGCTGAG ATTGCACCAC TGTACTGCAG CCTGGGTGAC AGAGTGAGAG CCCATCTCAA CAACAACAAA 19110 GAAGACTGAC AAATGCAGTT TCTTGGAAAG AAACATTTAG TAGGAACTTA ACCTACACA AGAAGCCAAG 19180
TCGGTGTCTC GGTGTCAGTG AGATGAGATG ATGGGTCCTC ACACCATCAC CCCAGACCCA GGGTTTATGC 19250
ACCACAGGGG CGGGTGGCTC AGAAGGGATG CGCAGGACGT TGATATACGA TGACATCAAG GTTGTCTCAC 19320 50 GAAGGGCAGG ATTCATGATA AGTACCTGCT GGTACACAAG GAACAATGGA TAAACTGGAA ACCTTAGAGG 19390 CCTTCCCGGA ACAGGGGCTA ATCAGAAGCC AGCATGGGGG GCTGGCATCC AGGATGGAGC TGCTTCAGCC 19460 TCCACATGCG TGTTCATACA GATGGTGCAC AGAAACGCAG TGTACCTGTG CACACACAGA CACGCAGCTA 19530 CTCGCACACA CAAGCACAC CACAGACATG CATGCATGCA TCCGTGTGTG TGCACCTGTG CCCATGAGGA 19600 55 AACCCATGCA TGTGCATTCA TGCACGCACA CAGGCACCGG TGGGCCCATG CCCACACCCA CGAGCACCGT 19670 CTGATTAGGA GGCCTTTCCT CTGACGCTGT CCGCCATCCT CTCAGGTTTC ACGCATGTGT GCTGCAGCTC 19740 CCATTTCATC AGCAAGTTTG GAAGAACCCC ACATTTTTCC TGCGCGTCAT CTCTGACACG GCCTCCCTCT 19810 GCTACTCCAT CCTGAAAGCC AAGAACGCAG GTATGTGCAG GTGCCTGGCC TCAGTGGCAG CAGTGCCTGC 19880 CTGCTGGTGT TAGTGTGTCA GGAGACTGAG TGAATCTGGG CTTAGGAAGT TCTTACCCCT TTTCGCATCA 19950 60 GGAAGTGGTT TAACCCAACC ACTGTCAGGC TCGTCTGCCC GCCCTCTCGT GGGGTGAGCA GAGCACCTGA 20020 TGGAAGGGAC AGGAGCTGTC TGGGAGCTGC CATCCTTCCC ACCTTGCTCT GCCTGGGGAA GCGCTGGGGG 20090 GCCTGGTCTC TCCTGTTTGC CCCATGGTGG GATTTGGGGG GCCTGGCCTC TCCTGTTTGC CCTGTGGTGG 20160
GATTGGGCTG TCTCCCGTCC ATGGCACTTA GGGCCCTTGT GCAAACCCAG GCCAAGGGCT TAGGAGGAGG 20230 CCAGGCCCAG GCTACCCCAC CCCTCTCAGG AGCAGAGGCC GCGTATCACC ACGACAGAGC CCCGCGCCGT 20300 65 CCTCTGCTTC CCAGTCACCG TCCTCTGCCC CTGGACACTT TGTCCAGCAT CAGGGAGGTT TCTGATCCGT 20370 CTGAAATTCA AGCCATGTCG AACCTGCGGT CCTGAGCTTA ACAGCTTCTA CTTTCTGTTC TTTCTGTGTT 20440 GTGGAAATTT CACCTGGAGA AGCCGAAGAA AACATTTCTG TCGTGACTCC TGCGGTGCTT GGGTCGGGAC 20510 AGCCAGAGAT GGAGCCACCC CGCAGACCGT CGGGTGTGGG CAGCTTTCCG GTGTCTCCTG GGAGGGGAGC 20580 TGGGCTGGGC CTGTGACTCC TCAGCCTCTG TTTTCCCCCA GGGATGTCGC TGGGGGCCAA GGGCCCGCC 20650
GGCCCTCTGC CCTCCGAGGC CGTGCAGTGG CTGTGCCACC AAGCATTCCT GCTCAAGCTG ACTCGACACC 20720 70 GTGTCACCTA CGTGCCACTC CTGGGGTCAC TCAGGACAGG CAAGTGTGGG TGGAGGCCAG TGCGGGCCCC 20790 ACCTGCCCAG GGGTCATCCT TGAACGCCCT GTGTGGGGCG AGCAGCCTCA GATGCTGCTG AAGTGCAGAC 20860 GCCCCCGGGC CTGACCCTGG GGGCCTGGAG CCACGCTGGC AGCCCTATGT GATTAAACGC TGGTGTCCC 20930 AGGCCACGGA GCCTGGCAGG GTCCCCAACT TCTTGAACCC CTGCTTCCCA TCTCAGGGGC GATGGCTCCC 21000 75 CACGCTTGGG AGCCTTCTGA CCCCTGACCT GTGTCCTCTC ACAGCCTCTT CCCTGGCTGC TGCCCTGAGC 21070 TCCTGGGGTC CTGAGCAAGT TCTCTCCCCG CCCCGCCGCT CCAGCGTCAC TGGGCTGCCT GTCTGCTCGC 21140 CCCGGTGGAG GGGTGTCTGT CCCTTCACTG AGGTTCCCAC CAGCCAGGGC CACGAGGTGC AGGCCCTGCC 21210

TGCCCGGCCA CCCACACGTC CTAGGAGGGT TGGAGGATGC CACCTCTGGC CTCTTCTGGA ACGGAGTCTG 21280 ATTTTGGCCC CGCAGCCCAG ACGCAGCTGA GTCGGAAGCT CCCGGGGACG ACGCTGACTG CCCTGGAGGC 21350 CGCAGCCAAC CCGGCACTGC CCTCAGACTT CAAGACCATC CTGGACTGAT GGCCACCCGC CCACAGCCAG 21420 GCCGAGAGCA GACACCAGCA GCCCTGTCAC GCCGGGCTCT ACGTCCCAGG GAGGGAGGG CGGCCCACAC 5 CCAGGCCCGC ACCGCTGGGA GTCTGAGGCC TGAGTGAGTG TTTGGCCGAG GCCTGCATGT CCGGCTGAAG 21560 GCTGAGTGTC CGGCTGAGGC CTGAGCGAGT GTCCAGCCAA GGGCTGAGTG TCCAGCACAC CTGCCGTCTT 21630 CACTTCCCCA CAGGCTGGCG CTCGGCTCCA CCCCAGGGCC AGCTTTTCCT CACCAGGAGC CCGGCTTCCA 21700 CTCCCCACAT AGGAATAGTC CATCCCCAGA TTCGCCATTG TTCACCCCTC GCCCTGCCCT CCTTTGCCTT 21770 CCACCCCAC CATCCAGGTG GAGACCCTGA GAAGGACCCT GGGAGCTCTG GGAATTTGGA GTGACCAAAG 21840 10 GTGTGCCCTG TACACAGGCG AGGACCCTGC ACCTGGATGG GGGTCCCTGT GGGTCAAATT GGGGGGAGGT 21910 GCTGTGGGAG TAAAATACTG AATATATGAG **TTTTTCAGTT** TCTCATGTTT TTGAAAAAA GAATCCTAAT 21980 GTGCACTGCA TAGACACCAC TGTATGCAAT TACAGAAGCC **TGTGAGTGAA** CGGGGTGGTG GTCAGTGCGG 22050 GCCCATGGCC TGGCTGTGCA TTTACGGAAG TCTATGAGTG AATGGGGTTG TGGTCAGTGC GGGCCCATGG 22120 CCTGGCTGGG CCTGGGAGGT TTCTGATGCT GTGAGGCAGG AGGGGAAGGA GGGTAGGGGA TAGACAGTGG 22190 15 GAGCCCCCAC CCTGGAAGAC ATAACAGTAA GTCCAGGCCC GAAGGCCAGC AGGGATGCTG GGGGCCCAGC 22260 TTGGGCGCG GGGATGATGG AGGGCCTGGC CAGGGTGGCA **GGGATGATGG** GGGCCCCAGC 22330 TGGGGTGGCA GGGGTGATGG GGGGGGGCTGG TCTGGGTGGC GGGGAAGATG GGGAAGCCTG GCTGGGCCCC CTCCTCCCCT 22400 GCCTCCCACC TGCAGCCGTG GATCCGGATG TGCTTCCCTG **GTGCACATCC** TCTGGGCCAT CAGCTTTCAT 22470 GGAGGTGGGG GGCAGGGGCA TGACACCATC CTGTATAAAA TCCAGGATTC CTCCTCCTGA ACGCCCCAAC 22540 20 TCAGGTTGAA AGTCACATTC CGCCTCTGGC CATTCTCTTA AGAGTAGACC AGGATTCTGA TCTCTGAAGG 22610 GTGGGTAGGG TGGGGCAGTG GAGGGTGTGG ACACAGGAGG CTTCAGGGTG GGGCTGGTGA TGCTCTCTCA 22680 TCCTCTTATC ATCTCCCAGT CTCATCTCTC ATCCTCTTAT CATCTCCCAG TCTCATCTGT CTTCCTCTTA 22750 TCTCCCAGTC TCATCTGTCA TCCTCTTACC ATCTCCCAGT CTCATCTCTT **ATCCTCTTAT** CTCCTAGTCT 22820 CATCCAGACT TACCTCCCAG GGCGGGTGCC AGGCTCGCAG **TGGAGCTGGA** CATACGTCCT TCCTCAGGCA 22890 25 GAAGGAACTG GAAGGATTGC AGAGAACAGG AGGGGCGGCT CAGAGGGACG CAGTCTTGGG GTGAAGAAAC 22960 AGCCCCTCCT CAGAAGTTGG CTTGGGCCAC ACGAAACCGA GGGCCCTGCG TGAGTGGCTC CAGAGCCTTC 23030 CAGCAGGTCC CTGGTGGGGC CTTATGGTAT GGCCGGGTCC TACTGAGTGC ACCTTGGACA GGGCTTCTGG 23100 TTTGAGTGCA GCCCGGACGT GCCTGGTGTC GGGGTGGGGG CTTATGGCCA CTGGATATGG CGTCATTTAT 23170 TGCTGCTGCT TCAGAGAATG TCTGAGTGAC CGAGCCTAAT GTGTATGGTG GGCCCAAGTC CACAGACTGT 23240 30 GTCGTAAATG CACTCTGGTG CCTGGAGCCC CCGTATAGGA GCTGTGAGGA AGGAGGGGCT CTTGGCAGCC 23310 GGCCTGGGGG CGCCTTTGCC CTGCAAACTG GAAGGGAGCG GCCCCGGGCG CCGTGGGCGG ACGACCTCAA 23380 GTGAGAGGTT GGACAGAACA GGGCGGGGAC TTCCCAGGAG CAGAGGCCGC TGCTCAGGCA CACCTGGGTT 23450 TGAATCACAG ACCAACAGGT CAGGCCATTG TTCAGCTATC CATCTTCTAC AAAGCTCCAG ATTCCTGTTT 23520 CTCCGGGTGT TTTTTGTTGA AATTTTACTC AGGATTACTT ATATTTTTTG CTAAAGTATT AGACCCTTAA 23590 35 AAAAGGTATT TGCTTTGATA TGGCTTAACT CACTAAGCAC CTACTTTATT TGTCTGTTTT TATTTATTAT 23660 TATTATTATT ATTAGAGATG GTGTCTACTC TGTCACCCAG GTTGTTAGTG CAGTGGCACA GTCATGGCTC 23730 GCTGTAGCCG CAAACCCCCA GGCTCAAGTG ATCCTCCGGC CTCAGCTTCC CAGAGTGCTG GGATTACAGG 23800 TGTGAGCCAC TGCCCTTGCC TGGCACTTTT AAAAACCACT ATGTAAGGTC AGGTCCAGTG GCTTCCACAC 23870 CTGTCATCCC AGTAGTTTGG GAAGCCGAGG CAGAAGGATT GTCTGAGGCC AGGAGTTTGA GACCAGCATG 23940 40 GGTAACATAG GGAGACCCCA TCTCTACAAA AAATGCAAAA AGTTATCCGG GCGTGGGGTC CAGCATCTGT AGTCCCAGCT GCTCGGGAGG CTGAGTGGGA GGATCGCTTG AGCCCGGGAG GTCATGGCTG CAGTGAGCTG 24080 TGATTGTACC ATCGCACTCC AGCCTGGGCA ACAGAGTGAG ACCCTGTCTC AAAAAAAAA AAAAAAAAAG 24150 AAGGAGAAGG AGAAGAGAAG 24220 AAGGAGGCCT GCTAGGTGCT AGGTAGACTG TCAAATCTCA GAGCAAAATG AAAATAACAA AGTTTTAAAG 24290 45 GGAAAGAAAA ACCCCAGCTC TTTGGACTTC CTTAGGCCTG AACTTCATCT CAAGCAGCTT CCTTCCACAG 24360 ACAAGCGTGT ATGGAGCGAG TGAGTTCAAA GCAGAAAGGG AGGAGAAGCA GGCAAGGGTG GAGGCTGTGG 24430 GTGACACCAG CCAGGACCCC TGAAAGGGAG TGGTTGTTTT CCTGCCTCAG CCCCACGCTC CTGCCGGTCC 24500 TGCACCTGCT GTAACCGTCG ATGTTGGTGC CAGGTGCCCA CCTGGGAAGG ATGCTGTGCA GGGGGCTTGC 24570 CAAACTTTGG TGGGTTTCAG AAGCCCCAGG CACTTGTGGC AGGCACAATT ACAGCCCCTC CCCAAAGATG 24640 50 CCCACGTCCT TCTCCTGGAA CCTGTGAATG TGTCACCCGC AAGGCAGAGG CTGGTGAAGG CTGCAGGTGG 24710 AATCACGGCT GCCAGTCAGC CGATCTTAAG GTCATCCTGG ATTATCTGGT GGGCCTGATA TGGCCACAAG 24780 GGTCCCTAGA AGTGAGAGAG GGAGGCAGGG GAGAGTCAGA GAGGGGGACGT GAGAAGGACC ACTGGCCACT 24850 GCTGGCTTTG AGATGGAGGA GGGGGTCCCC AGCCAAGGAA TGGGGGCAGC CGCTCCATGC TGGAAAAGCA 24920 AGCAATCCTC CCCGGTCCTG AGGGCACACG GCCCTGCCCA CGCCTCGATT TCAGGCCAGT GGGACCTGTT 24990 55 TCAGCTTTCC GGCCTCCAGA GCTGTAAGAT GATGCGTTTG TGTTCAGCCA CTAAGCTGCA GTGATTCGTC 25060 ACAGCAGCAA ATGGAATAGC AGTACAGGGA AATGAATACA GGGACAGTTC TCAGAGTGAC TCTCAGCCCA 25130 CCCCTGGG 25138

60 Beispiel 5

65

Der Vergleich der oben beschriebenen genomischen hTC-Sequenz mit der Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 6; entsprechend SEQ ID NO 2) ermöglichte die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens. Die genomische Organisation des hTC-Gens ist in Fig. 7 schematisch dargestellt. Die kodierende Region des hTC-Gens setzt sich aus

15

16 Exons zusammen, die in ihrer Größe zwischen 62 bp und 1354 bp variieren (s. Tabelle 1). Exon 1 enthält das Translationsstartcodon ATG. Das Translationsstopcodon TGA sowie der 3' untranslatierte Bereich liegen auf Exon 16 (Fig. 8). Ein mögliches Polyadenylierungssignal (AATAAA) wurde weder in Exon 16 noch in den 3195 bp der folgenden 3'-flankierenden Region gefunden. Basierend auf der Konsensussequenz

| | | 5'-E | | Intron | | | | | | | 3'-Exon | | | |
|----|-------------|------|----|--------|-----|-----|-----|-----|---|----|---------|-----|----|--|
| | Prä-mRNA | A/C | A | G. | G | T | A/G | Ą | N | С | A | G | G | |
| 10 | Häufigk.(%) | 70 | 60 | 80 | 100 | 100 | 95 | ,70 | | 80 | 100 | 100 | 60 | |

wurden die Exon-Intron-Übergänge bestimmt und in Tabelle 1 aufgeführt. Mit Ausnahme der 5'-Splice-Stelle zwischen Exon 15 und Intron 15 stimmen alle Exon-Intron-Übergänge mit der publizierten (Shapiro und Senapathy, 1987) Splice-Konsensussequenz überein. Die Größe der Introns liegt zwischen 104 bp und 8616 bp. Da Intron 6 nur zum Teil isoliert wurde, kann die exakte Länge des hTC-Gens nicht bestimmt werden. Basierend auf der von Intron 6 erhaltenen Teilsequenz von ~4660 bp beträgt die minimale Größe des hTERT Gens 37 kb.

Die Introns 1-5 sowie der 5'-Bereich des Introns 6 sind in Contig 1 enthalten:

Intron 1: bp 11493-11596 (SEQ ID NO 4);

Intron 2: bp 12951-21566 (SEQ ID NO 5);

Intron 3: bp 21763-23851 (SEQ ID NO 6);

5 Intron 4: bp 24033-24719 (SEQ ID NO 7);

Intron 5: bp 24900-25393 (SEQ ID NO 8);

5'-Bereich von Intron 6: bp 25550-26414 (SEQ ID NO 9).

Der 3'-Bereich des Introns 6 sowie die Introns 7-15 sind in Contig 2 an folgenden

10 Positionen lokalisiert:

3'-Bereich von Intron 6: bp 1-3782 (SEQ ID NO 10);

Intron 7: bp 3879-4858 (SEQ ID NO 11);

Intron 8: bp 4945-7429 (SEQ ID NO 12);

Intron 9: bp 7544-9527 (SEQ ID NO 13);

15 Intron 10: bp 9600-11470 (SEQ ID NO 14);

Intron 11: bp 11660-15460 (SEQ ID NO 15;

Intron 12: bp 15588-16467 (SEQ ID NO 16);

Intron 13: bp 16530-19715 (SEQ ID NO 17);

Intron 14: 19841-20621 (SEQ ID NO 18);

20 Intron 15: 20760-21295 (SEQ ID NO 19).

Der 3'-nichttranskribierte Bereich befindet sich ebenfalls im Contig 2 an Position 21960-25138 (SEQ ID NO 20).

Die genannten Introns haben im einzelnen folgende Sequenzen:

Intron 1 (SEQ ID NO 4)

5

10

15

20

25

30

35

40

Intron 2 (SEQ ID NO 5)

CTGGTCCTCCTGTCTCCATCGTCACGTGGCCACACGTGGCTTTTCGCTCAGGACGTCGAGTGGACACGGTGATCTCTGCC TCTGCTCTCCTGTCCAGTTTGCATAAACTTACGAGGTTCACCTTCACGTTTTGATGGACACGCGGTTTCCAGGCGC CGAGGCCAGAGCAGTGAACAGAGGAGGCTGGGCGCGGCAGTGGAGCCGGGTTGCCGGCAATGGGGAGAAGTGTCTGGAAG CACAGACGCTCTGGCGAGGTGCCTGCAGGTTACCTATAATCCTCTTCGCAATTTCAAGGGTGGGAATGAGAGGTGGGGA CGAGAACCCCTCTTCCTGGGGGTGGGAGGTAAGGGTTTTGCAGGTGCACGTGGTCAGCCAATATGCAGGTTTGTGTTTA AGATTTAATTGTGTGTTGACGGCCAGGTGCGGTGGCTCACGCCGGTAATCCCAGCACTTTGGGAAGCTGAGGCAGGTGGA TCACCTGAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAAACCCTATCTGTACTAAAAAATACAAAAATTAGCTG GGCATGGTGGTGTGTGCCTGTAATCCCAGCTACTTGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCACTTGAACCCAGGAGGCGGAGGC CGTTGATTGTGCCAGGACAGGGTAGAGGGAGGGAGATAAGACTGTTCTCCAGCACAGATCCTGGTCCCATCTTTAGGTAT GAAGAGGCCACATGGGAGCAGAGGACAGCAGATGGCTCCACCTGCTGAGGAAGGGACAGTGTTTGTGGGTGTTCAGGGG ATGGTGCTGCTGGGCCCTGCCCGTGTCCCCACCCTGTTTTTCTGGATTTGATGTTGAGGAACCTCCGCTCCAGCCCCCTTT TGGCTCCCAGTGCTCCCAGGCCCTACCGTGGCAGCTAGAAGAAGTCCCGATTTCACCCCCTCCCCACAAACTCCCAAGAC AAAAGTCATATAACATGAGATTGGCACTCCTAACACCGTTTTCTGTGTACAGTGCAGAATTGCTAACTCGGCGGTGTTTA CAGCAGGTTGCTTGAAATGCTGCGTCTTGCGTGACTGGAAGTCCCTACCCATCGAACGGCAGCTGCCTCACACCCTGCTGC GAGAGTTTGAGTTCTCTGATCAGGACTCTGCCTGTCATTGCTGTTCTCTGACTTCAGATGAGGTCACAATCTGCCCCTGG CTTATGCAGGGAGTGAGGCGTGGTCCCCGGGTGTCCCTGTCACGTGCAGGGTGAGGTGAGGCGTTGCCCCCAGGTGTCCCT GTCACGTGTAGGGTGAGGCGCGCCCCCGGGTGTCCCTGTCCCGTGCAGCGTGATTGAGGTGTGGCCCCCGGGTGT GAGGCTCTGTCCCCAGGTGTCCTTGGCGTTTGCTCACTTGAGCTTGCTCCTGAATGTTTGCTCTTTCTATAGCCACAGCT GCGCCGGTTGCCCATTGCCTGGGTAGATGGTGCAGGCGCAGTGCTGGTCCCCAAGCCTATCTTTTCTGATGCTCGGCTCT TCTTGGTCACCTCTCCGTTCCATTTTGCTACGGGGACACGGGACTGCAGGCTCTCGCCTCCCGCGTGCCAGGCACTGCAG TCTCCCAGCTTGTCTCATGCCGAGGCTGGACTCTGGGCTGCCTGTGTCTGCCACGTGTTGCTGGAGACATCCCAGAA AGGGTTCTCTGTGCCCTGAAGGAAAGCAAGTCACCCCAGCCCCTCACTTGTCCTGTTTTCTCCCAAGCTGCCCCTCTGC TTGGCCCCCTTGGGTGGCTGCCACCCTTGTCACCTTATTCTGGGCACCTGCCGCTCATTGCTTAGGCTGGGCTCTGCCT

15

20

25

35

40

GAGGGCCGGTGTCTCCGCCAGCCTTCGTCAGACTTCCCTCTTGGGTCTTAGTTTTGAATTTCACTGATTTACCTCTGACG TTTCTATCTCTCCATTGTATGCTTTTTCTTGGTTTATTCTTTCATTCCTTTTCTAGCTTCTTAGTTTAGTCATGCCTTTC CCTCTAAGTGCTGCCTTACCTGCACCCTGTGTTTTGATGTGAAGTAATCTCAACATCAGCCACTTTCAAGTGTTCTTAAA AATCATTTTGATATCAGTGACTTTTAAGTATTCTTTAGCTTATTCTGTGATTTCTTTGAGCAGTGAGTTATTTGAACACT TGTGTAGTGGTCTGTATAATACCAATTATTTGAAGTTTGCGGAGCCTTGCTTTGTGATCTAGTGTGTGCATGGTTTCCAG AAGCTTCTGTCTCCTTCTAGATGCATGAAATTCCAAGAAGGAGGCCATAGTCCCTCACCTGGGGGATGGGTCTGTTCATT 10 --TCTTTTGGAGACTTCTATGTCTCTAGTAATCTAGTAATTCTTTTTTAAATTGCTCTTAGTACTGCCACACTGGGCTTCT GAGTCTTGGTCTGTCGCCCAGGGTGAGTGCAGTGGTGTGATCACAGGTCAGTGTAACTTTTACCTTCTGGCCTGAGCCGT CCTCTCACCTCAGCCTCCTGAGTAGCTGGAACTGCAGACACCGCTACACCTGGCTAATTTTTTAAATTTTTTCTGGA GACAGGGTCTTGCTGTGTTGCCCAGGCTGGTCTCAAACTCTTGGACTCAAGGGATCCATCTACCTCGGCTTCCCAAAGTG CTGAATTACAGGCATGACCATGTCTGGCCTAATTTTCAACACTTTTATATTCTTATAGTGTGGGTATGTCCTGTTA ACTAGAGACCCGCCTGGTGCACTCTGATTCTCCACTTGCCTGTTGCATGTCCTCGTTCCCTTGTTTCTCACCACCTCTTG GGTTGCCATGTGCGTTTCCTGCCGAGTGTGTTGATCCTCTCGTTGCCTCCTGGTCACTGGGCATTTGCTTTTATTTCT GGCTGGAGTGTAATGGCACAATCTCGGCTCACTGCAACCTCTGCCTCCTCGGTTCAAGCAGTTCTCATTCCTCAACCTCA TGAGTAGCTGGGATTACAGGCGCCCACCACCACGCCTGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGATAGGCTTTCACCATGT TGGCCAGGCTGGTCTCAAACTCCTGACCTCAAGTGATCTGCCCGCCTTGGCCTCCCACAGTGCTGGGATTACAGGTGCAA GCCACCGTGCCCGGCATACCTTGATCTTTTAAAATGAAGTCTGAAACATTGCTACCCTTGTCCTGAGCAATAAGACCCTT AGTGTATTTTAGCTCTGGCCACCCCCAGCCTGTGTGTGTTTTCCCTGCTGACTTAGTTCTATCTCAGGCATCTTGACA CCCCCACAGCTAAGCATTATTATATTGTTTTCCGTGTTGAGTGTTTCTGTAGCTTTTGCCCCCGCCCTGCTTTTCCTCC TTATTGCTGGTAAACCCCAGCTTTACCTGTGCTGGCCTCCATGGCATCTAGCGACGTCCGGGGACCTCTGCTTATGATGC ACAGATGAAGATGTGGAGACTCACGAGGAGGGGGGTCATCTTGGCCCGTGAGTGTCTGGAGCACCACGTGGCCAGCGTTC 30 " CTTAGCCAGTGAGTGACAACGTCCGCTCGGCTTGGGTTCAGCCTGGAAAACCCCAGGCATGTCGGGGTCTGGTGGCT CCGCGGTGTCGAGTTTGAAATCGCGCAAACCTGCGGTGTGGCGCCAGCTCTGACGGTGCTGCCTGGCGGGGGAGTGTCTG CTTCCTCCTTCTGCTTGGGAACCAGGACAAAGGATGAGGCTCCGAGCCGTTGTCGCCCAACAGGAGCATGACGTGAGCC ATGTGGATAATTTTAAAATTTCTAGGCTGGGCGGGGGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAGGCGGG TGGATCACGAGGTCAGGAGGTCGAGACCATCCTGGCCAACATGATGAAAACCCCATCTGTACTAAAAACACAAAAATTAGC TGGGCGTGGTGGCGGTGCCTGTAATCCCAGCTACTCGGGAGGCTGAGGCAGGAGAATTGCTTGAACCTGGGAGTTGGAA TTTGTCTGCGGGATCCCGTGTGTAGGTCCCGTGCGTGGCCATCTCGGCCTGGACCTGCTGGGCTTCCCATGGCCATGGCT GTTGTACCAGATGGTGCAGGTCCGGGATGAGGTCGCCAGGCCCTCAGTGAGCTGGATGTGCAGTGTCCGGATGGTGCACG TCTGGGATGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGTGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCAGGGGTGAGGTCTCCAG 5 -

10--

15

20

25

30

40

GCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATG TGTGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCAGGGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTAAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCA AGGCCCTGCGGTGAGCTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGACGGTGCCAGACCATGC GGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTGAGTTGGATGTGGGGT GCCCTCGGTGAGCTGGATGTGCAGTGTCCAGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGACCCTGCGGTGAGCTGGATG TGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCTGGAGTGAGGTCGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGATGTATGGAGTCCGGATGGTGCC GGTCCGGGTGAGGTCGCCAGACCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTACAGGTCTGGAGTGAGGTCGCC AGACCCTGCTGTGAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCAGGGGTGAGGTCTCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGA GGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAACTGGATGTGCGGCGTCTGGATGGT GCAGGTCTGGGGTGTGGTCGCCAGGCCCTCGGTGAGCTGGAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGGTGAGGTCC GAGGTATGGAGTCCGGATGATGCAGGTCCGGGTGAGGTTGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATG GTGCAGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGT CACCAGGCCTGCGGTGAGCTGGTTGTGCGGTGTCCGGTTGCTGCAGGTCCGGGGTGAGTTCGCCAGGCCCTCGGTGAGC TGGATGTGCGGTGTCCCGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCAGGGTGAGGTCGCTAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCTTTGGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGCATGGTGCAGGTCTG GGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGTGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCT GCTGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTAGCCAAGGCCTTCGGTGAGCTGGATGTGGG GTGTCCGGATGCTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGT CCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCTGGATGCTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGG CCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCAGTGAGCTGGATG TGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATATGCGGTGTCGGATGGTGCA GGTCCGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTGCGGTTAGCTGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCC AGGCCCTGCTGTGAGCTGGATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGG ATGTGCTGTATCCGGATGGTGCAGGTCTGGCGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGATGTGCAGTGTACGGATGG TGCAGGTCCGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTGCGGTGGGCTGTATGTGTTGTTGTCTGGATGGTGCAGGTCCGGGGTGAGTT CGCCAGGCCCTGCGGTGAGCTGGATGTGTGGTGTCTGGATGCTGCAGGTCCGGGGTGAGTTCGCCAGGCCCTCGGTGAGC TGGATATGCGGTGTCCCGTGTCCGAATGGTGCAGGTCCAGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGTGCCGT GTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGAGCTGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTCCG GGGTGAGGTCACCAGGCCCTCGGTGATCTGGATGTGGCATGTCCTTCTCGTTTAAG

35 Intron 3 (SEQ ID NO 6)

10

15

20

40

GCAACCTCCACCTCCTGGGTTTAAGCGATTCACCAGCCTCAGCCTCCTAAGTAGCTGGGATTACAGGCACCTGCCACCAC GCCTGGCTAATTTTTGTACTTTTAGGAGAGACGGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCATGACCTCAGG TGATCCACCCACCTTGGCCTCCCAAAGTGCTGGGTTTACAGGCTAAGCCACCGTGCCCAGCCCCGATTCTCTTTTAATT CAGGGAGCACCTGTGCAGGGAGCACCTGGGGATAGGAGAGTTCCACCATGAGCTAACTTCTAGGTGGCTGCATTTGAATG GCTGTGAGATTTTGTCTGCAATGTTCGGCTGATGAGAGTGTGAGATTGTGACAGATTCAAGCTGGATTTGCATCAGTGAG GGACGGGAGCGCTGGTCTGGGAGATGCCAGCCTGGCTGAGCCCAGGCCATGGTATTAGCTTCTCCGTGTCCCGCCCAGGC TGACTGTGGAGGGCTTTAGTCAGAAGATCAGGGCTTCCCCAGCTCCCCTGCACACTCGAGTCCCTGGGGGGCCCTTGTGAC ACCCCATGCCCCAAATCAGGATGTCTGCAGAGGGAGGTGGCAGCAGACCTCGTCAGAGGTAACACAGCCTCTGGGCTGGG GACCCCGACGTGGTGCTGGGGCCATTTCCTTGCATCTGGGGGAGGGTCAGGGCTTTCCCTGTGGGAACAAGTTAATACAC AATGCACCTTACTTAGACTTTACACGTATTTAATGGTGTGCGACCCAACATGGTCATTTGACCAGTATTTTGGAAAGAAT TTAATTGGGGTGACCGGAAGGAGCAGACAGACGTGGTGGTCCCCAAGATGCTCCTTGTCACTACTGGGACTGTTGTTCTG $\tt CCTGGGGGGCCTTGGAGGCCCTCCTCCTGGACAGGGTACCGTGCCTTTTCTACTCTGCTGGGCCTGCGGCCTGCGGTC$ AGGGCACCAGCTCCGGAGCACCCGCGGCCCCAGTGTCCACGGAGTGCCAGGCTGTCAGCCACAGATGCCCAGGTCCAGGT GTGGCCGCTCCAGCCCCCGTGCCCCCATGGGTGGTTTTGGGGGAAAAGGCCAAGGGCAGAGGTGTCAGGAGACTGGTGGG AGGGGCATGGGTTCACGTGGCCCCAGATGCAGCCTGGGACCAGGCTCCCTGGTGCTGATGGTGGGACAGTCACCCTGGGG GTTGACCGCCGGACTGGGCGTCCCCAGGGTTGACTATAGGACCAGGTGTCCAGGTGCCCTGCAAGTAGAGGGGGTTCTCAG AGGCGTCTGGCTGGCATGGGCGGGCCCCGGGCATGGCCTTCAGCGTGTGCCGTGGGTGCCCTGAGCCCTCAC TGAGTCGGTGGGGGCTTGTGGCTTCCCGTGAGCTTCCCCCTAGTCTGTTGTCTGGCTGAGCAAGCCTCCTGAGGGGGCTCT CTATTGCAG

Intron 4 (SEQ ID NO 7)

35 Intron 5 (SEQ ID NO 8)

10

15

20

25

30

35

40

AGTGGGGGACACCGCCAGGCCAGGCCCTGAGGGCAGAGGTGATGTCTGAGTTTCTGCGTGGCCACTGTCAGTCTCCTCGC CTCCACTCACACAG

5'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 9)

3'-Bereich Intron 6 (SEQ ID NO 10)

TGTGGGATTGGTTTTCATGTGGGATAGGTGGGGATCTGTGGGATTTGTTTTTATGAGTGGGGTAACACAGAGTTCAAG ${\tt GCGAGCTTTCTTCCTGTAGTGGGTCTCCAGCTGCTCCAACAGCTTTATTGAGGAGACCATATCTTCCTTTGAACTATGGT}$ CGGGTTTATAGTAAGTCAGGGGTGTGGAGGCCTCCCTGGGCTCCCTGTTCTGTTTCTTCCACTCTGGGGTCGTGTGGTG CCTGCTGTGTGTGGCCGGTGGGCAGGGCTTCCAGGCCTCCTTGTGTTCATTGGCCTGGATGTGGCCCTGGCTACGCT GTCTCGCTCTTTTTTGCCCAGGCTGGAGTGGTTTGGCGTGATCTTGGCTCACTGCAACCTGTGCTTCCTGAGTTCAAGCA ATTCTCTTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGAATTATAGGCGCCCACCACCATGCTGACTAATTTTTGTAATTTTAGTAG AGACGAGGTTTCTCCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAGGTGATCCTCCCACCTCGGCCTCCCAAAGT GCTGGGATGACAGGTGTGAACCGCCGCCCGGCCGAGACTCGCTTCCTGCAGCTTCCGTGAGATCTGCAGCGATAGCTG CCTGCAGCCTTGGTGCTGACAACCTCCGTTTTCCTTCTCCAGGTCTCGCTAGGGGTCTTTCCATTTCATGACTCTCTTCA CAGAAGAGTTTCACGTGTGCTGATTTCCCGGCTGTTTCCTGCGTAATTGGTGTCTGCTGTTTATCGATGGCCTCCTTCCA TCTAAACAAGCATCTGAAGTTGCCGTTTTCCCTCTAAAGCAGGGATCCCGAGGCCCCTGGCTGTGGAGTGGCACCGGTCT GGGGCCTGTTAGGAACCCGGCGCACAGCGGGAGGCTAGGTGGGGTGTGGGGAGCCAGCGTTCCCGCCTGAGCCCCGCCCC TCTCAGATCAGCAGTGGCATGCGGTGCTCAGAGGCGCACACCCTACTGAGAACTGTGCGTGAGAGGGGTCTAGATTCT GTGCTCCTTATGGGAATCTAATGCCTGATGATCTGAGGTGGAACCGTTTGCTCCCAAAACCATCCCCTTCCCCACTGCTG TCCTGTGGAAAAATCGTCTTCCACGAAACCAGTCCCTGGTACCACAATGGTTGGGGACCCTGTGCTAAAGACCTGCTTCA GCAGCCTCTCGTCAGTGTTGATATATTGGCTTTTCTGTGTTGAGTCCAGAATAATTACGGATTTCTGTGATGCTTTCCGC CGACCTCAGACCCATGGGCTATTTGTGGGCGTGTTGCCTGCTCCTGGGTTGGGAAGGGTGCAGGCCCCATGTACCTTCCT GTTACTGCCTTCCAGGTTGGTTCTCAGGGTTGAATCGTACTCGATGTGGTTTTTAGCCCACGGCCCTGCCGCCAGCTCCTG GGGGCTGGGGAACATGCTGAAGCACAGAGTCACCGTGCGCGTCTTTTGATGCCTCACAAGCTCGAGGCCTCCTGTGTCCG TGTTAGTGTGTGTCACGTGCCTGCTCACATCCTGTCTTGGGGACGCAGGGGCTTTAGCAGGTCCCGTAGTAAATGACAAGC

10

15

20

25

30

35

40

GTGGCTGCACCTGCATCCCTGCAATCCCTCCAGCACTGGGCTGGAGAGGCCCGGGAGCTCGAGTGCCACTTGTGCCACGT GACTGTGGATGGCAGTCGGTCACGGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTTGGTCACAGGGGTCTGATGTGTG GTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGG ATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTG GGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCAGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGGTCTGATG TGGTGACTGTGGATGGCAGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACT GTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGG CGGTCGTGGGGTCTGATGTGGATGTGGATGGCGGTCGTGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCA CAGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGATGGTGATCGGTCACAG GGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGGTTGGTCCCGGGG TCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGATCGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCT GATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGT GACTGTGGATGCCGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGCCGTCGTGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGAT GGCGGTTGGTCCCGGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCAG TCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGG TCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGT GGTGACTGTGGATGGCGGTCGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGTGATCGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGT GACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGAT GGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTAGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCAGTCG GTCACAGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGG GGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGATGTGTGGTGACTGTGGATGGCGGTCGTGGGGTCTGAT GTGGTGACTGTGGATGGTCACAGGGGTCTGATGTGTGGTAGCTGCAGGTGGAGTCCCAGGTGTGTCTGTAGCT ACTTTGCGTCCTCGGCCCCCGGCCCCCGTTTCCCAAACAGAAGCTTCCCAGGCGCTCTCTGGGCTTCATCCCGCCATCG GGCTTGGCCGCAGGTCCACACGTCCTGATCGGAAGAACAAGTGCCCAGCTCTGGCCGGGGCAGGCCACATTTGTGGCTC ATGCCCTCTCCTCTGCCGGCAG

Intron 7 (SEQ ID NO 11)

5 :

10 =

15

20

25

30

35

40

Intron 8 (SEQ ID NO 12)

TCCCGAGGCCCCGGAAACATGGCTCGGCTTGCGGCAGCCGGAGCGGGCGAGCCACGCGAGGCCTGGAAATGGCAAGC GGGGTGTGGAGTTGCTCCTGCGTGGAGGACGAGGGGCGGGGGGTGTGTCTGGGTCAGGTGTGCGCCGAGCGTTTGAGCCT GGATTTTATCCGATTCTCATTCCTGTCCCTGTCGTGTGACCCCCGCGAGGGCGCGGGCTCTTCTCTCTGTGACTAGATTT CCCATCTGGAAAGTGCGGGGTTGACCGTGTAGTTTGCTCCTCTCGGGGGGGCCTGTGGTGGCCATGGGGCAGGCGGCCTGG GAGAGCTGCCGTCACACAGCCACTGGGTGAGCCACACTCACGGTGGTAGAGCCACAGTGCCTGGTGCCACATCACGTCCT AGAATTCGCTGACAAAGTCACCTCCCCAGAGAAGCCACCACGGGCCTCCTTCGTGGTCGTGAATTTTATTAAGATGGATC GGTGACTGTGTCTGTCCCTAGGACACGGACAGGCCCGAAGCTCTAGTCCCCATCGTGGTCCAGTTTGGCCTCTGA TCTGCTTGCGTTGACTCGCTGGGCTGGCCGGACTCCTAGAGTTGGTGCCTGTGCTTCTGTGCAAAAAGTGCAGTCCTCTT $\tt CTGTTGTCTGCCTGGGCTTGAGTGCAGTGGCGGATCTCAACTCACTGCAACCTCCGGCTTCCGGGTTCCAGCATTTCTC$ GGATTACAGGTGTGAGCCATCACGCCCAGCCGGAAAGCCTCTTTTTAAGGTGACCACCTATAGCGCTTCCCGAAAATAAC AGGTCTTGTTTTTGCAGTAGGCTGCAAGCGTCTCTTAGCAACAGGAGTGGCGTCCTGTGGGCTCTGGGGATGGCTGAGGG TCGCGTGGCAGCCATGCCTTCTGTGCACCTTTAGGTTCCACGGGGCTATTCTGCTCTCACTGTTTGTCTGAAAACGCA CCCTTGGCATCCTTGTTTGGAGAGTTTCTGCTTCGTTGGTCATGCTGAAACTAGGGGCAAGGTTGTATCCGTTGGCGC AGAGCAAGGATGTGGTCACACCTGTGGCTGGATCTGTTTCAGCCGCCCCAGTGCATGGTGAGAGTGGGGAGCAGGGATTG TTTGTTCAGAGGTCTCATCTGGTATGTTTCTGAGGTGTTTGCCGGCTGAATGGTAGACGTGTCGTTTGTGTGTATGAGGT TCTGTGTCTGTGTGTGGCTCGGTTTGAGTGTACGCATGTCCAGCACATGCCCTGCCCGTCTCTCACCTGTGTCTTCCCGC CCCAG

Intron 9 (SEQ ID NO 13)

GTGAGGCCTCCTCTCCCCAGGGGGGCTTGGGTGGGGGTTGATTTGCTTTTGATGCATTCAGTGTTAATATTCCTGGTGC
TCTGGAGACCATGACTGCTCTTGAGGAACCAGAAGGTTGCAGCCCCCTTCTTGGTATGAAGCCGCACGGGAGGGG
TTGCACAGCCTGAGGACTGCGGGCTCCACGCAGGCTCTGTCCAGCGGCCCATGTCCAGAGGCCTCAGCAGGCGG
GAGGGCCGCTGCCCTGCATGATGAGCATGTGAATTCAACACCGAGGAAGCACACCAGCTTCTGTCACGTCACCCAGGTTC

10 ...

15

20

25

30

35

40

CGTTAGGGTCCTTGGGGAGATGGGGCTGGTGCAGCCTGAGGCCCCACATCTCCCAGCAGGCCCTCGACAGGTGGCCTGGA CTGGGCGCCTCTTCAGCCCATTGCCCATCCCACTTGCATGGGGTCTACACCCAAGGACGCACACACCTAAATATCGTGCC ATGTGCACGACGTGCAGGTTAGTTACATATGTATACATGTGCCATGTTGGTGCTGCACCCATTAACTCATCATTACA TTAGGTATATCTCCTAATGCTATCCCTCCCCACTCCCATCCCATGACAGGCCCTGGTGTGATGTTCCCCACCCTG GCTCAGAGTGATGGTTTCCAGCTTCGTCCATGTCCCTACAAAGGACATGAACTCATCCTTTTTTATGACTGCATAGTATT ${\tt CCGTGGTGTATATGTGCCACATTTTCTTAATCCAGTCTATCATCGATGGACATTTGGGTTGCTAGGACATTTTGCTACT}$ GTGAATAGTGCCGCAATAAACATACGTGTGCATGTGTCTTTATAGCAGCATGATTTATAATCCTTTGGGTATATACCCAG TAATGGGATGGCTGGGTCAAATGGTATTTCTAGTTCTAGATCCTTGAGGAATCACCACACTGTCTTCCACAATGGTTGAA CTAGTTTACACTCCCACCAACAGTGTAAAAGTGTTCTGGTGCTGGAGAGGATGTGGACAGCAGTTATTTTTTTATGAAAA TAGTATCACTGAACAAGCAGACAGTTAGTGAAGGATGCGTCAGGAAGCCTGCAGGCCACACAGCCATTTCTCTCGAAGAC ${\tt TCCGGGTTTTTCCTGTGCATCTTTTGAAACTCTAGCTCCAATTATAGCATGTACAGTGGATCAAGGTTCTTCTTCATTAA}$ $\tt GGTTCAAGTTCTAGATTGAAATAAGTTTATGTAACAGAAACAAAAATTTCTTGTACACAACTTGCTCTGGGATTTGGA$ ${\tt GGAAAGTGTCCTCGAGCTGGCGGCACACTGGTCAGCCCTCTGGGACAGGATACCTCTGGCCCATGGTCATGGGCCGCTGG}$ ${\tt GCTTGGGCCTGAGGGTCACACAGTGCACCATGCCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGTCTCGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCTGGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGGATAGGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGAGATCATGCTGAGGACCCAGCTTCCTGTGAGATCATGCTGAGGACCAGCTTCCTGAGGATCATGCTGAGGACCAGCTTCCTGAGATCATGCTGAGATCATGCTGAGATCATGCTGAGATCATGCTGAGATCAGGATCATGCTGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATCATGAGATGAGATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGATGAGATCATGAGAATGAGAATGAATGAGAATGAATGAGAATGA$ ACAGCTGCCATGCTGGTAAAGGGCACCACGTGGCTCAGAGGGGGGCGAGGTTCCCAGCCCAGCTTTCTTACCGTCTTCAG GCTGATGGTAAACACTGAGTACTTATAATGAATGAGGAATTGCTGTAGCAGTTAACTGTAGAGAGCTCGTCTGTTGGAAA TCGTAGACAGATACTACGTAAAAAGTGTAAAGTTAACCTTGCTGTGTATTTTCCCTTATTTTAG

Intron 10 (SEQ ID NO 14)

GTGAGGCCCGTGCCGTGTCTGTGGGGACCTCCACAGCCTGTGGGCTTTGCAGTTGAGCCCCCCGTGTCCTGCCCCTGG CACCGCAGCGTTGTCTCTGCCAAGTCCTCTCTCTCTCTGCCGGTGCTGGATCCGCAAGAGCAGAGCGCTTGGCCGTGCACC CAGGCCTGGGGGCGCAGGGCACCTTCGGGAGGGGGTGCGTACCGTGCAGGCCCTGGTCCTGCAGAGACGCACCCAGGTT ACACACGTGGTGAGTGCAGGCGGTGACCTGGCTCCTGCTGCTCTTTGGAAAGTCAAGAGTGGCGGCTCCTGGGGCCCCAG TGAGACCCCCAGGAGCTGTGCACAGGGCCTGCAGGGCCGAGGCGGCAGCCTCCTCCCCAGGGTGCACCTGAGCCTGCGGA GAGCAGGAGCTGCTGAGTGAGCTGGCCCACAGCGTTCGCTGCGGTCACGTTCCTGCGTGGGGTTGTTTGGGATCGGTGGG AGAATTTGGATTTGCTGAGTGCTGCTGTCTTGAACCACGGAGATGGCTAGGAGTGGGTTTCAGAGTTGATTTTTGTGAAT ${\tt CAAACTAAAATCAGGCACAGGGGACCTGGCCTCAGCACAGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGCGCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGGATTGTCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGATTGTCCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGATTGTCCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGATTGTCCCAATGTGGTCCCCCTCAAGGGGCGCCCCCACAGGGGATTGTCCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTGTCCAATGTTAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTCAATGTTC$ AGCCGGTGGGCTTGTTTTAAAGTGCGATTTGACGAGGGACGAGAAACCTTGAAAGCTGTAAAGGGAACCCTCAGAAAATG TGGCCGCCAGGGGTGGTTTCAGGTGCTTTGCTGGGCTGTGTTTGTGAAAACCCATTTGGACCCGCCCTCCAAGTCCACCC TCCAGGTCCACCCTCCAGGGCCGCCCTGGGCTGGGGTATGCCTGGCGTTCCTTGTGCCGCAGCCCGGAGCACAGCAGGC TGTGCACATTTAAATCCACTAAGATTCACTCGGGGGGAGCCCAGGTCCCAAGCAACTGAGGGCTCAGGAGTCCTGAGGCT GCTGAGGGGACAGAGCAGACGGGGAACGCTGCTTCTGTGTGGCAAGTTCCTGAGGGTGCTGGCCAGGGAGGTGGCTCAGA GTGTATGTTGGGGTCCCACCGGGGGCAGAACTCTGTCTCTGATGAGTCGGCAGCCATGTAACAGGAAGGGGTGGCCACAG GGAGCTGGGAATGCACCAGGGGAGCTGCGCAGCTGGCCGAGGTCCCAGGGCCAGGCCACAGGAAGGGCAGGGGACGCCC GGGGCCACAGCAGAGGCCGCAGGAAGGGAAGGGGATGCCCAGGCCAGAGCAGAGCTACCGGGCACAGGGGGGCTCCCTG AGCTGGGTGAGCGAGGCTCATGACTCGGCGAGGGAACCTCCTTGACGTGAAGCTGACGACTGGTGTTGCCCAGCTCACAG

10

15

20

25

30

35

40

Intron 11 (SEQ ID NO 15)

GTGAGCGCACCTGGCCGGAAGTGGAGCCTGTGCCCGGCTGGGGCAGGTGCTGCAGGGCCGTTGCGTCCACCTCTGCT TCCGTGTGGGGCAGCCGACTGCCAATCCCAAAGGGTCAGAGGCCACAGGGTGCCCCTCGTCCCATCTGGGGCTGAGCAGA AATGCATCTTTCTGTGGGAGTGAGGGTGCTCACAACGGGAGCAGTTTTCTGTGCTATTTTGGTAAAAGGAAATGGTGCAC CAGACCTGGGTGCACTGAGGTGTCTTCAGAAAGCAGTCTGGATCCGAACCCAAGACGCCCGGGCCCTGCTGGGCGTGAGT CTCTCAAACCCGAACACAGGGGCCCTGCTGGGCATGAGTCCCTCTGAACCCGAGACCCTGGGGCCCTGCTGGGCCGTGAGT CTCTCCGAACCCAGAGACTTCAGGGCCCTTTTGGGCGTGAGTCTCTCCGCTGTGAGCCCCACACTCCAAGGCTCATCCAC AATTCTGGGGTCTTGTTTCCCCAGAGCCCGAGAGCTCAAGGCCCCGTCTCAGGCTCAGACACAAATGAATTGAAGATGGA ATAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGTGGGTGGATCACTTGAGGCCAGGAGTTTGAGGCCAACCTAACCAACATAGTG AAATTCCATTTCTACTTAAAAAATACAAAAATTAGCCTGGCCTGGTGGCACACGCCTGTAGTCCCCGCTATGCGGGAGGC TGAGGCAGGAGAATCATTTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCGAGATCACACCACTGCACTCCAGCCTGGGCA ACAGAGTGAGACTTCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAGTATCAGCATTCCAAAACCATAGTGGACAGGTGTTTTTTTATTC TGTCCTTCGATAATATTTACTGGTGCTGTGCTAGAGGCCGGAACTGGGGGTGCCTTCCTCTGAAAGGCACACCTTCATGG GAAGAGAAATAAGTGGTGAATGGTTGTTAAACCAGAGGTTTAAACTGGGGTCCTGTCGTTCTGAGTTAACAGTCCAGATC TGGACTTTGCCTCTTTCCAGAATGCTCCCTGGGGTTTGCTTCATGGGGGAGCAGCAGGTGTGGACACCCTCGTGATGGGG GAGCAGCAGGTGCAGACGCCCTCATGATGGGGGGAGTGGCAGGTGCAGACACCCTTGTGCATGGTGCCCAGCATGTCCCTG TTGCAGCTCCCTCCCACAAGGATGCCGGTCTCCTGTGCTCCCCACAGTCCCTGCTTCCCTCTCACAGCCTTACCTGGTC CTGGCCTCCACTGGCTTTGTCTGCATGATTTCCACATTTTCCTGGGCTCCCAGCACCTCTTCGCCTCTCCCAGGCACCTCT GCAGTGCTGGCCATACCAGTCAGCTGTGAACTGTCCACTGCTTATTTTGCTCCCCATGAAATGTATTTTTTAGGACAGGC GTTCTCTCTAAACACATTGCAAAGCCACAGAGGCTAGTGCAGGATGGGGTGGGCATCAGGTCATCAGATGTGGGTCCAATG CCAGAATATTCTGTGCTCCCAAAGGCCACTTGGTCAGAGTGTGTGCTTGCAGAGGTGGCTCTAAAAGCTCAGCAGTGGAG GCAGTGGTTCGCCATACTCAGGGTGAACTCACATCCTCTGTGTCTCGAAGTATACAGCAGAGGGCTTGAAGGGCATCTGGGA GAAGAAAACAGGCAAAATGATTAAGAAAAGTGAAAAAGGGAAAAGTGGTAAGATGGGAATTTTCTTGTCCAGATTTTAGTC TCCCAAACCACAGCTCAGATGGTAGAATGTGGTCAGAACTGATGGACAGAACAATAGAACAAAACGGAAGCCCTATCTCT GACTGGAAGCAAATAAGTTGTGTCTTTACAGCATATACCAGAGCAGATTCTAGGTAGAAGAGGAGACACATGCAAACAAC ACCAGCAACAGAAATAAAACAAAAGACTCAAAGGGAAGGGAGGTGAACGTTCCCTGGTTTGGTGTTGGGGAAGGACACAC AGGGAGGCGGATGAAACCAGTGAGGCAACGGGCATTGCTTTCACTGCAGAGAAACTCAGCTTGCCTGAGCCACAGTGAAA 5.

10..

15

20

25

30

35

40

GTTCTCCTAACCACCTGAGAGGTAGAGGAGGAAAGGCTCCAGGGGAGCAGCCGCCCTTGGTCACCCAGCTGGCAAAGGGC ATGCATGATTGCAGCCTGGCCTCCTGCTCCGGGGCCCTTGCTCTGCCCGAGGACCCCACAAGTCAGACCCATAGGCTC AGGGTGAGCCGAGCCCAAGGTCGTGTTGGGGATGGCTGTGAAAGAAGAAATGGACGTCTGATGCACACTTGGGAAGGTC CTACCAGCAGCGTCAAAGAAATGCATGTGAAACTGACAGCGAGACCCATCCCTCAAAGAAACGCACGTGAAACTGATGGC GAGACCTGTCCCCATCCTCATGCTGGCTCCTTTTCTGGGCTTGCCAAGAGCCAGCATCAGGTTGAGGCAAGCTGGAAAG ACTTTTCTGGAAAGCAGCTTGTTTGCATGGAAGTCCTCACAATGTCCTGTGTCTTCCCAGTAATTCCACTTCTGAAGTGA CAAATACAGGGCTAAGGAGATATTATGCATCACAAAACTTGCTCTGCCATTAAACATTTTTCAAAGAATTTTTGAAGAAT GTTTAATGGCACAAAACGTTTATTTCAATGTAGCAGTGTTCAAAGCTGGATGTAAAAGAACACACCCCAGGAGCCTGCCG GCTCTTCCATCCCTGAGATTCAAACACAGTGAGATTCCCCACGCCCAACTCAGTGTTCTCCCACAAAAAACCTGAGTCAC ACCTGTGTTCACTCGAGGGACGCCCGGGAGCCAGGGCTCCACAGTTTATTATGTGTTTTTTGGCTGAGTTATGTGCAGATC TCATCAGGGCAGATGATGAGTGCACAAACACGGCCGTGCGAGGTTTGGATACACTCAACATCACTAGCCAGGTCCTGGTG GAGTTTGGTCATGCAGAGTCTGGATGGCATGTAGCATTTGGAGTCCATGGAGTGAGCACCCAGCCCCTCGGGCTGCAGC GCATGCCCCAGGCAGGAAGGAAGCGGGAGGAAGGCAGGAGGCTCTTTGGAGCAAGCTTTGCAGGAGGGGGCTGGGTGT GGGGCAGGCACCTGTGTCTGACATTCCCCCCTGTGTCTCAG

Intron 12 (SEQ ID NO 16)

Intron 13 (SEQ ID NO 17)

10

15

20

25

30

ACAAGCCTCGGGGCTGTACCAAAGGGCAGTCGGGCACCACACAGGCCTCCACCTCAACAGGCCTCCCGAGCCACTG GGAGCTGAATGCCAGGAGGCCGAAGCCCTCGCCCCATGAGGGGCTGAGAAGGAGTGTGAGCATTTGTGTTACCCAGGGCCG AGGCTGCGCGAATTACCGTGCACACTTGATGTGAAATGAGGTCGTCGTCTATCGTGGAAACCCAGCAAGGGCTCACGGGA ${\tt AGAGCCACAGCTGCATGTTACCGCCTTTGCACCAGCTCCAGAGGCTTGGGACCAGGCTGTCTCAGTTCCAGGGTGCGTCCC}$ GGCTCAGACCGCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCTCCCCAAATCTTCCCTCGTTTGCATCTCCCTGACGCGTGCCTGGG ${\tt CCCTCGTGCAAGCTGCTTGACTCCTTTCCGGAAACCCTTGGGGTGTGCTGGATACAGGTGCCACTGAGGACTGGAGGTGT}$ CTGACACTGTGGTTGACCCCAGGGTCCAGCTGGCGTGCTTGGGGCCTCCTTGGGCCCATGATGAGGTCAGAGGAGTTTTCC CAGGTGAAAACTCCTGGGAAACTCCCAGGGCCATGTGACCTGCCACCTGCTCCTCCCATATTCAGCTCAGTCTTGTCCTC ATTTCCCCACCAGGGTCTCTAGCTCCGAGGAGCTCCCGTAGAGGGCCTGGGCTCAGGGCAGGGCGGCTGAGTTTCCCCAC CCATGTGGGGACCCTTGGGTAGTCGCTTGATTGGGTAGCCCTGAGGAGGCCGAGATGCGATGGGCCACGGGCCGTTTCCA TGGGGCTCGGCCTGCCGGCCGCGCCTCCACACGGGCTTGGGCTGGACGCCCCGACCTCTAGCAGGTGGC TATTTCTCCCTTTGGAAGAGCCCCTCACCCATGCTAGGTGTTTCCCTCCTGGGTCAGGAGCGTGGCCGTGTGGCAACC ${\tt CCGGGACCTTAGGCTTATTTATTTGTTTAAAAACATTCTGGGCCTGGCTTCCGTTGTTGCTAAATGGGGAAAAGACATCC}$ CACCTCAGCAGAGTTACTGAGAGGCTGAAACCGGGGTGCTGGCTTGACTGGTGTGATCTCAGGTCATTCCAGAAGTGGCT CAGGAAGTCAGTGAGACCAGGTACATGGGGGGCTCAGGCAGTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGGCTCAGGCAGTGGGT GAGGCCAGGTACATGGGGGGCTCAGGCACTGGGTGAGATGAGGTACACGGGGGGGCTCAGGCAGAGGGTCAGACCAGGTAC ACGGGGGCTCTGATCACACGCACATATGAGCACATGTGCACATGTGCTGTTTCATGGTAGCCAGGTCTGTGCACACCTGC CCCAAAGTCCCAGGAAGCTGAGAGGCCAAAGATGGAGGCTGACAGGGCTGGCGCGGTGGCTCACACCTGTAGTCCCAGCA CTTTGGGAGGCCGAGGGGTCCCTTGAGCCCAGGAGTTTAAGACCAGCCTGAGCAACATAGTAGAACCCCATCTC TATGAAAAATAAAACAAAAATTAGCTGAACATGGTGGTGTGCGCCTGTAGTTCCAATACTTGGGAGGCTGAAGTGGGAG GATCACTTGAGCCCAGGAGGTGGAAGCTGCAGTGAGCTGAGATTGCACCACTGTACTGCAGCCTGGGTGACAGAGTGAGA CACCACAGGGGCGGGTGGCTCAGAAGGGATGCGCAGGACGTTGATATACGATGACATCAAGGTTGTCTGACGAAGGGCAG GATTCATGATAAGTACCTGCTGGTACACAAGGAACAATGGATAAACTGGAAACCTTAGAGGCCTTCCCGGAACAGGGGCT AATCAGAAGCCAGCATGGGGGGCTGGCATCCAGGATGGAGCTGCTTCAGCCTCCACATGCGTGTTCATACAGATGGTGCA GCCCACACCCACGAGCACCGTCTGATTAGGAGGCCTTTCCTCTGACGCTGTCCGCCATCCTCTCAG

Intron 14 (SEQ ID NO 18)

10

20

25

30

35

40

Intron 15 (WEQ ID NO 19)

15 3'-untranskribierter Bereich (SEQ ID NO 20)

GGTCAGTGCGGCCCATGGCCTGTCCATTTACGGAAGTCTATGAGTGAATGGGGTTGTGGTCAGTGCGGGCCCATG GCCTGGCTGGGCCTGGGAGGTTTCTGATGCTGTGAGGCAGGAGGGGAAGGAGGGTAGGGGATAGACAGTGGGAGCCCCCA CCCTGGAAGACATAACAGTAAGTCCAGGCCCGAAGGGCAGCAGGGATGCTGGGGGCCCAGCTTGGGCGGGGGATGATG $\tt CGGGGAAGATGGGGAAGCCTGGGCCCCCTCCTCCCCTGCCTCCCACCTGCAGCCGTGGATCCGGATGTGCTTCCCT$ GGTGCACATCCTCTGGGCCATCAGCTTTCATGGAGGTGGGGGGCAGGGGCATGACACCATCCTGTATAAAATCCAGGATT CCTCCTCCTGAACGCCCCAACTCAGGTTGAAAGTCACATTCCGCCTCTGGCCATTCTCTTAAGAGTAGACCAGGATTCTG ATCTCTGAAGGGTGGGTAGGGTGGGGCAGTGGAGGGTGTGGACACAGGAGGCTTCAGGGTGGGGCTGGTGATGCTCTCTC --- CTCATCTGTCATCCTCTTACCATCTCCCAGTCTCATCTCTTATCCTCTTATCTCCTAGTCTCATCCAGACTTACCTCCCA GAGGGCCGCTCAGAGGACCCAGTCTTGGGTGAAGAAACAGCCCCTCCTCAGAAGTTGGCTTGGGCCACACGAAACCG AGGGCCCTGCGTGAGTGGCTCCAGAGCCTTCCAGCAGGTCCCTGGTGGGGGCCTTATGGTATGGCCGGGTCCTACTGAGTG CACCTTGGACAGGGCTTCTGGTTTGAGTGCAGCCCGGACGTGCCTGGTGTCGGGGTGGGGGGCTTATGGCCACTGGATATG GCGTCATTTATTGCTGCTGCTTCAGAGAATGTCTGAGTGACCGAGCCTAATGTGTATGGTGGGCCCAAGTCCACAGACTG GCGCCTTTGCCCTGCAAACTGGAAGGGAGCGGCCCCGGGCGCCGTGGGCGGACGACCTCAAGTGAGAGGTTGGACAGAAC AGGGCGGGACTTCCCAGGAGCAGAGGCCGCTGCTCAGGCACACCTGGGTTTGAATCACAGACCAACaGGTCAGGCCATT GTTCAGCTATCCATCTTCTACAAAGCTCCAGATTCCTGTTTCTCCGGGTGTTTTTTGTTGAAATTTTACTCAGGATTACT TATATTTTTTGCTAAAGTATTAGACCCTTAAAAAAGGTATTTGCTTTGATATGGCTTAACTCACTAAGCACCTACTTTAT TTGTCTGTTTTTATTATTATTATTATTATTAGAGATGGTGTCTACTCTGTCACCCAGGTTGTTAGTGCAGTGGCAC AGTCATGGCTCGCTGTAGCCGCAAACCCCCAGGCTCAAGTGATCCTCCGGCCTCAGCTTCCCAGAGTGCTGGGATTACAG GTGTGAGCCACTGCCCTTGCCTGGCACTTTTAAAAACCACTATGTAAGGTCAGGTCCAGTGGCTTCCACACCTGTCATCC CAGTAGTTTGGGAAGCCGAGGCAGAAGGATTGTCTGAGGCCAGGAGTTTGAGACCAGCATGGGTAACATAGGGAGACCCC

Die Charakterisierung der Exons zeigte interessanterweise, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen, funktionell wichtigen hTC-Protein-Domänen auf separaten Exons angeordnet sind. Das Telomerase-charakteristische T-Motiv befindet sich auf Exon 3. Die für die katalytische Funktion der Telomerase wichtigen RT (Reverse-Transkriptase)-Motive 1-7 liegen auf folgenden Exons: RT Motiv 1 und 2 auf Exon 4, RT Motiv 4 auf Exon 9, RT Motiv 5 auf Exon 10, RT Motiv 6 und 7 auf Exon 11. RT Motiv 3 liegt verteilt auf Exon 5 und 6 vor (s. Fig. 8).

10

15

20

25

30

5

Die Aufklärung der Exon-Intron-Struktur des hTC-Gens zeigt auch, daß die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebenen vier Deletions- bzw. Insertions-Varianten der hTC-cDNA ebenso wie drei weitere, in der Literatur (Kilian et al., 1997) beschriebene hTC-Insertions-Varianten höchstwahrscheinlich alternative Splice-Produkte darstellen. Wie in Fig. 8 gezeigt, lassen sich die Splice Varianten in zwei Gruppen einteilen: Deletionsvarianten und Insertionsvarianten.

Den hTC-Varianten der Deletionsgruppe fehlen spezifische Sequenzabschnitte. Die 36 bp in frame Deletion in Variante DEL1 resultiert höchstwahrscheinlich aus der Benutzung einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 6, wodurch ein Teil des RT Motivs 3 verlorengeht. In Variante DEL2 werden die normalen 5'-Splice Donor- und 3'-Splice-Akzeptor Sequenzen von Intron 6, 7 und 8 nicht benutzt. Stattdessen wird Exon 6 direkt an Exon 9 fusioniert, wodurch eine Verschiebung des offenen Leserahmens entsteht und in Exon 10 ein Stopcodon auftritt. Variante Del3 stellt eine Kombination aus Variante 1 und 2 dar.

Die Gruppe der Insertions-Varianten zeichnet sich durch die Insertion von Intronsequenzen aus, die zu vorzeitigen Translationsstop führen. Anstelle der normalerweise benutzten 5'-Splice Donorsequenz von Intron 5 wird eine alternative, 3'-lokalisierte Splicestelle in Variante INS1 benutzt, wodurch eine Insertion der ersten 38 bp aus Intron 4 zwischen Exon 4 und Exon 5 entsteht. Ebenso resultiert die

Insertion eines Intron 11-Sequenzbereichs in Variante INS2 aus der Benutzung einer alternativen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 11. Da diese Variante in der Literatur (Kilian et al., 1997) nur unzureichend beschrieben wurde, läßt sich die genaue alternative 5'-Splice Donorsequenz dieser Variante nicht bestimmen. Die Insertion von Intron 14 Sequenzen zwischen Exon 14 und Exon 15 in Variante INS3 entsteht durch die Benutzung von einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz, wodurch der 3'-Teil von Intron 14 nicht gesplict wird.

Die in unserer Patentanmeldung PCT/EP/98/03469 beschriebene hTC-Variante INS4 (Variante 4) zeichnet sich durch den Ersatz von Exon 15 und dem 5'-Teilbereich von Exon 16 durch die ersten 600 bp des Introns 14 aus. Diese Variante ist auf den Gebrauch einer alternativer internen 5'-Splice Donorsequenz in Intron 14 und einer alternativen 3'-Splice Akzeptorsequenz in Exon 16 zurückzuführen, woraus ein veränderter C-Terminus resultiert.

15

20

10

5

Die *in vivo*-Generation wahrscheinlich nicht-funktioneller hTC-Proteinvarianten, die mit der Funktion des vollständigen hTC-Proteins interferieren könnten, stellt zusätlich zur Transkriptionsregulation einen möglichen Mechanismus dar, um die hTC-Proteinfunktion zu kontrollieren. Bis heute ist die Funktion der hTC-Splicevarianten nicht bekannt. Obwohl die meisten dieser Varianten vermutlich für Proteine ohne Reverse-Transkriptase-Aktivität kodieren, könnten sie dennoch eine entscheidende Rolle als transdominant-negative Telomerase-Regulatoren spielen, indem sie z.B. um die Interaktion mit wichtigen Bindungspartnern kompetieren.

25

30

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren in der Nukleotidsequenz von Intron 2 identifiziert, die in der Tab. 2 aufgelistet sind. Darüberhinaus wurde im Intron 1 eine Sp1-Bindungsstelle (Pos. 43) und im 5'-

untranslatiertem Bereich eine c-Myc-Bindungsstelle (cDNA-Position 29-34, vergl. Fig. 6) gefunden.

Beispiel 6

5

10

15

20

25

30

Um den oder die Startpunkt(e) der hTC-Transkription in HL 60 Zellen zu ermitteln, wurde das 5'-Ende der hTC-mRNA durch Primer-Extension-Analyse bestimmt.

Es wurden 2 µg PolyA+-RNA aus HL-60-Zellen für 10 min bei 65°C denaturiert. Zur Primeranlagerung wurden 1 µl RNasin (30-40 U/ml) und 0,3-1 pmol radioaktiv markierter Primer (5'GTTAAGTTGTAGCTTACACTGGTTCTC 3'; 2,5-8x10⁵ cpm) zugegeben und für 30 min bei 37°C in einem Gesamtvolumen von 20 µl inkubiert. Nach Zugabe von 10 µl 5xReverse Transkriptase-Puffer (Fa. Gibco-BRL), 2 μl 10 mM dNTPs, 2 μl RNasin (s.o.), 5μl 0,1 M DTT (Fa. Gibco-BRL) 2 μl ThermoScript RT (15 U/µl; Fa. Gibco-BRL) und 9 µl DEPC-behandeltes Wasser erfolgte die Primer-Verlängerung in einem Gesamtvolumen für 1 h bei 58°C. Die Reaktion wurde durch 4 µl 0,5 M EDTA, pH 8,0, gestoppt und die RNA nach Zugabe von 1 µl RNaseA (10 mg/ml) für 30 min bei 37°C abgebaut. Hierauf wurden 2,5 µg gescherte Kalbsthymus-DNA und 100 µl TE addiert und einmal mit 150µl Phenol/Cloroform (1:1) extrahiert. Die DNA wurde unter Zusatz von 15 µl 3 M Na-Acetat und 450 µl Ethanol für 45 min bei -70°C gefällt und anschließend für 15 min bei 14000 Upm abzentrifugiert. Das Präzipitat wurde einmal mit 70 %igem Ethanol gewaschen, luftgetrocknet und in 8 µl Sequenzierungs-Stoplösung gelöst. Nach 5 min Denaturierung bei 80°C wurden die Proben auf ein 6 %iges Polyacrylamidgel aufgetragen und elektrophoretisch (Ausubel et al., 1987) aufgetrennt (Fig. 5).

Hierbei wurde eine Haupt-Transkriptionsstartstelle identifiziert, die 1767 bp 5' vom ATG-Startcodon der hTC-cDNA Sequenz lokalisiert ist (Nukleotidposition 3346 in Fig. 4). Die Nukleotidsequenz um diesen Haupttranskriptionsstart (TTA₊₁TTGT) repräsentiert darüberhinaus ein Initiator-Element (Inr), das in 6 von 7 Nukleotiden

mit dem Konsensusmotiv (PyPyA₊₁Na/tPyPy) (Smale, 1997) eines Initiator-Elementes übereinstimmt.

In unmittelbarer Nähe des experimentell identifizierten Haupt-Transkriptionsstartes konnte keine eindeutige TATA-Box identifiziert werden, so daß der hTC-Promoter wahrscheinlich in die Familie der TATA-losen Promotoren (Smale, 1997) einzuordnen ist. Allerdings wurde durch Bioinformatik Analyse eine potentielle TATA-Box von Nukleotidposition 1306 bis 1311 (Fig. 4) gefunden. Die zusätzlich um den Haupt-Transkriptionsstart beobachteten Neben-Transkriptionsstarts wurden auch bei anderen TATA-losen Promotoren beschrieben (Geng and Johnson, 1993), wie z.B. in den stark regulierten Promotoren einiger Zellzyklusgene (Wick et al., 1995).

Beispiel 7

Zusätzlich zu dem in Beispiel 6 beschriebenen, in HL60 Zellen identifizierten Startpunkt des hTC Transkriptes, wurde ein weiterer Transkriptionsstartbereich in HL60 Zellen identifiziert. Anhand von RT-PCR-Analysen wurde die Region des Transkriptionsstarts des hTC-Gens in HL60 Zellen auf die bp -60 bis -105 eingegrenzt.

20

25

30

5

10

Unter Einsatz von 0,4 µg Poly A-RNA aus HL60 Zellen (Clontech) und dem genspezifischen Primer GSP13 (5'-CCTCCAAAGAGGTGGCTTCTTCGGC-3', cDNA-Position 920-897) wurde hierfür die cDNA mit Hilfe des "First Strand cDNA-Synthesis Kit" (Clontech) nach Angaben der Hersteller synthetisiert. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 1 µl cDNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer F (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 10 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 36 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer

angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Insgesamt wurden sechs verschiedene 5'-PCR Primer (Primer HTRT5B: 5'-CGCAGCCACTACCGCGAGGTGC-3', cDNA-Position 105 bis 126; Primer C5S: 5'-CTGCGTCCTGCGCACGTGGGAAGC-5'-flankierende Region -49 bis -23: Primer PRO-TEST1: CTCGCGGCGAGTTTCAGGCAG-3', 5'-flankierende Region -74 bis -52; Primer PRO-TEST2: 5'-CCAGCCCCTCCCCTTCCTTTCC-3', 5'-flankierende Region -112 bis -91; Primer PRO-TEST4: 5'-CCAGCTCCGCCTCCTCCGCGC-3', 5'-flankierende Region -191-171; Primer **RP-3A**: 5'-CTAGGCCGATTCGACCTCTCCC-3', 5'-flankierende Region -427 bis -405) mit dem 3'-PCR Primer C5Rrück (5'-GTCCCAGGGCACGCACACCAG-3', cDNA-Position 245 bis 225) kombiniert. Als Kontrolle wurde zusätzlich zu den Oligo-dTund GSP13-geprimten cDNAs auch genomische DNA für die PCR eingesetzt. Wie in Fig. 9 gezeigt, wurde nur mit den Primerkombinationen HTRT5B-C5Rrück, C5S-C5Rrück und PRO-TEST1-C5Rrück ein PCR-Produkt erhalten, was darauf hinweist, daß der Startpunkt der hTC-Transkription in der Region zwischen bp-60 und bp-105 liegt.

Beispiel 8

20

25

30

5.

10

15

In der ca. 11,2 kb isolierten 5'-flankierenden Region des hTC-Gens befinden sich mehrere extrem GC-reiche Bereiche, sog. CpG Islands. Ein CpG Islands mit einem GC-Gehalt von > 70 % reicht von bp – 1214 bis in Intron 2. Zwei weitere GC-reiche Bereiche mit einem GC-Gehalt von > 60 % reichen von bp –3872 bis bp –3113 bzw. bp –5363 bis bp –3941. Die Lage der CpG Islands ist in der Fig. 11 graphisch dargestellt.

Die Suche nach möglichen Transkriptionsfaktorbindungstellen wurde mit dem "Find Pattern"-Algorithmuses aus dem "GCG Sequenz Analysis" Programmpacket der "Genetics Computer Group" (Madison, USA) durchgeführt. Dadurch wurden verschiedene potentielle Bindungsstellen in der Region bis -900 bp upstream vom

Translations-Startcodon ATG indentifiziert: fünf Sp1-Bindungsstellen, eine c-Myc-Bindungsstelle, eine CCAC-Box (Fig. 10). Zusätzlich wurden eine CCAAT-Box und eine zweite c-Myc-Bindungsstelle an den Positionen -1788 bzw. -3995 der 5'flankierenden Region gefunden.

Beispiel 9

5.

10

15

20

25

30

Um die Aktivität des hTC-Promotors zu analysieren, wurden durch PCR-Amplifikation vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte generiert und 5' vor das Reportergen Luziferase in den Vektor pGL2 der Fa. Promega kloniert. Als DNA-Quelle für die PCR-Amplifikation wurde das aus dem Phagenklon P12 subklonierte, 8,5 kb große SacI-Fragment gewählt. In einem Endvolumen von 50 µl wurden 35 ng dieser DNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1xPCR-Reaktionspuffer (PCR-Optimizer Kit der Fa. InVitrogen) und einem Unit Platinum-Taq-DNA Polymerase (Fa. Gibco/BRL) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden jeweils 20 pmol der nachfolgend definierten 5'- und 3'-Primer zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zweiminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 30 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 5 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Als 3'-PCR-Primer wurde jeweils der Primer PK-3A (5'-GCAAGCTTGACGCAGCGCTGCCTGAAACTCG-3', Position -43 bis -65) gewählt, der einen Sequenzbereich 42 bp upstream vom START-Codon ATG erkennt. Durch Kombination des PK-3A-Primers mit dem 5'-PCR-Primer PK-5B (5'-CCAGATCTCTGGAACACAGAGTGGCAGTTTCC-3', Position -4093 bis -4070) wurde ein 4051 bp großes Promotor-Fragment amplifiziert (NPK8). Die Kombination des PK-5C (5'-Primerpaares PK-3A und CCAGATCTGCATGAAGTGTGTGGGGATTTGCAG-3', Position -3120 3096) führte zur Amplifikation eines 3078 bp großen Promotorfragmentes (NPK15). Ein 2068 bp großes Promotorfragment wurde durch die Verwendung der Primerkombination

und

PK-5D

(5'-

PK-3A

10

15

GGAGATCTGATCTTGGCTTACTGCAGCCTCTG-3', Position –2110 bis -2087) amplifziert (NPK22). Der Einsatz der Primerkombination PK-3A und PK-5E (5'-GGAGATCTGTCTGGATTCCTGGGAAGTCCTCA-3', Position –1125 bis -1102) führte schließlich zur Amplifikation eines 1083 bp großen Promotorfragmentes (NPK27). Der PK-3A Primer enthält eine HindIII Erkennungssequenz. Die verschiedenen 5'-Primer enthalten eine BglII-Erkennungssequenz.

Die entstandenen PCR-Produkte wurden mit Hilfe des QIA quick spin PCR Purification Kits der Fa. Qiagen nach Angaben der Hersteller aufgereinigt und anschließend mit den Restriktionsenzymen BglII und HindIII verdaut. Mit den gleichen Restriktionsenzymen wurde der pGL2-Promotor-Vektor verdaut und der in diesem Vektor enthaltene SV40-Promotor freigesetzt und abgetrennt. Die PCR-Promotorfragmente wurden in den Vektor ligiert, in kompetente DH5α-Bakterien der Fa. Gibco/BRL transformiert. Aus transformierten Bakterienklonen wurde DNA für die nachfolgend beschriebenen Promotor-Aktivitäts-Analysen mit Hilfe des Qiagen Plasmid-Kits der Fa. Qiagen isoliert.

Beispiel 10

Die Aktivität des hTC-Promotors wurde in transienten Transfektionen in eukaryotischen Zellen analysiert.

Alle Arbeiten mit eukaryotischen Zellen erfolgten an einem sterilen Arbeitsplatz. CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden von der American Type Culture collection bezogen.

CHO-K1 Zellen wurden in DMEM Nut Mix F-12 Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 21331-020) mit 0,15 % Streptomycin/Penezillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) gehalten.

20

25

HEK 293 Zellen wurden in DMOD Zellkulturmedium (Fa. Gibco-BRL, Bestellnummer: 41965-039) mit 0,15 % Streptomycin/Penizillin, 2 mM Glutamin und 10 % FCS (Fa. Gibco-BRL) kultiviert.

5 CHO-K1 und HEK 293 Zellen wurden in wasssergesättigter Atmosphäre bei 37°C unter Begasung mit 5 % CO₂ kultiviert. Bei konfluentem Zellrasen wurde das Medium abgesaugt, die Zellen mit PBS (100 mM KH₂PO₄ pH 7,2; 150 mM NaCl) gewaschen und durch Zugabe einer Trypsin-EDTA Lösung (Fa. Gibco-BRL) abgelöst. Das Trypsin wurde durch Mediumzugabe inaktiviert und die Zellzahl mit einer Neubauer-Zählkammer ermittelt, um die Zellen in gewünschter Dichte auszuplattieren.

Für die Transfektion wurden pro Well jeweils 2x 10⁵ -HEK 293 Zellen in einer 24well Zellkulturplatte ausplattiert. Nach 3 Stunden wurde das HEK 293 Medium entfernt. Für die Transfektion wurden bis zu 2,5 µg Plasmid-DNA, 1 µg eines CMV ß-Gal Plasmidkonstruktes (Fa. Stratagene, Bestellnummer: 200388), 200 μl serumfreies Medium und 10 µl Transfektionsreagenz (DOTAP der Fa. Boehringer Mannheim) für 15 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend auf die HEK 293 Zellen gleichmäßig aufgetropft. Nach 3 Stunden wurden 1,5 ml Medium hinzugegeben. Nach 20 Stunden wurde das Medium gewechselt. Nach weiteren 24 Stunden wurden die Zellen zur Bestimmung der Luziferase- und der ß-Gal-Aktivität geerntet. Dazu wurden die Zellen im Zellkultur-Lysisreagenz (25 mM Tris [pH 7,8] mit H₃PO₄; 2 mM CDTA; 2 mM DTT; 10% Glycerol; 1% Triton X-100) für 15 Minuten bei Raumtemperatur lysiert. Zwanzig ul dieses Zellysats wurden mit 100 ul Luziferase-Assaypuffer (20 mM Tricin; 1,07 mM (MgCO₃)₄ Mg(OH), 5H₂O; 2,67 mM MgSO₄; 0,1 mM EDTA; 33,3 mM DTT; 270 μM Coenzym A; 470 μM Luciferin, 530 µM ATP) gemischt und das durch die Luziferase generierte Licht gemessen.

Zur Messung der β-Galaktosidaseaktivität wurden gleiche Mengen Zellysat und β-Galaktosidase-Assaypuffer (100 mM Natriumphosphatpuffer pH 7,3; 1 mM MgCl₂;

15

50 mM β-Merkaptoethanol; 0,665 mg/ml ONPG) für mindestens 30 Minuten bei 37°C oder bis eine leichte Gelbfärbung auftrat, inkubiert. Die Reaktion wurde durch Zugabe von 100 μl 1 M Na₂CO₃ gestoppt und die Absorption bei 420 nm bestimmt.

Für die Analyse des hTC-Promotors wurden vier verschieden lange hTC-Promotorsequenzabschnitte 5' vor das Reportergen Luziferase kloniert (vergl. Beispiel 9).

In der Fig. 11 sind die relativen Luziferase Aktivitäten zweier unabhängiger Transfektionen mit den Konstrukten NPK8, NPK15, NPK22 und NPK27 in HEK 293 Zellen aufgetragen. Jedes Experiment wurde in Duplikaten durchgeführt. Darüberhinaus wurde die Standardabweichung angegeben. Das Konstukt NPK 27 zeigt eine 40fach höhere Luziferaseaktivität als die Basalaktivität des promotorlosen Luziferase-Kontrollkonstrutes (pGL2-basic) und eine 2 bis 3fach höhere Aktivität als das SV40 Promotorkontroll-Konstrukt (pGL2PRO). Interessanterweise wurde im Vergleich zu dem Konstrukt NPK27 eine 2 bis 3fach geringere Luziferaseaktivität in mit längeren hTC Promotorkonstukten (NPK8, NPK15, NPK22) transfizierten Zellen beobachtet. Ähnliche Ergebnisse wurden auch in CHO Zellen beobachtet (Daten nicht gezeigt).

10

20

25

30

35

204.

Literaturvereichnis

Allsopp, R. C., Vazire, H., Pattersson, C., Goldstein, S., Younglai, E.V., Futcher, A.B., Greider, C.W. und Harley, C.B. (1992). Telomere length predicts replicative capacity of human fibroblasts. Proc. Natl. Acad. Sci. 89, 10114-10118.

Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K. (1987). Current protocols in molecular biology. Greene Publishing Associates and Whiley-Intersciences, New York.

Blasco, M. A., Rizen, M., Greider, C. W. und Hanahan, D. (1996). Differential regulation of telomerase activity and telomerase RNA during multistage tumorigenesis. Nature Genetics 12, 200-

Broccoli, D., Young, J. W. und deLange, T. (1995). Telomerase activity in normal and malignant hematopoietic cells. Proc. Natl. Acad. Sci. 92, 9082-9086.

Counter, C. M., Avilion, A. A., LeFeuvre, C. E., Stewart, N. G. Greider, C.W. Harley, C. B. und Bacchetti S. (1992). Telomere shortening associated with chromosome instability is arrested in immortal cells which express telomerase activity. EMBO J. 11, 1921-1929.

Feng, J., Funk, W. D., Wang, S.-S., Weinrich, S. L., Avilion, A.A., Chiu, C.-P., Adams, R.R., Chang, E., Allsopp, R.C., Yu, J., Le, S., West, M.D., Harley, C.B., Andrews, W.H., Greider, C.W. und Villeponteau, B. (1995). The RNA component of human telomerase. Science 269, 1236-1241.

Geng, Y., and Johnson, L.F. (1993). Lack of an initiator element is responsible for multiple transcriptional initiation sites of the TATA less mouse thymidine synthasse promoter. Mol. Cell. Biol 14:4894.

Goldstein, S. (1990). Replicative senescence: The human fibroblast comes of age. Science 249, 1129-1133.

Harley, C.B., Futcher, A.B., Greider, C.W., 1990. Telomeres shorten during ageing of human fibroblasts. Nature 345, 458-460.

Hastie, N. D., Dempster, M., Dunlop, M. G., Thomps n, A. M., Green, D.K. und Allshire, R.C. (1990). Telomere reduction in human colorectal carcinoma and with ageing. Nature 346, 866-868.

- Hiyama, K., Hirai, Y., Kyoizumi, S., Akiyama, M., Hiyama, E., Piatyszek, M.A., Shay, J.W., Ishioka, S. und Yamakido, M. (1995). Activation of telomerase in human lymphocytes and hematopoietic progenitor cells. J. Immunol. 155, 3711-3715.
- Kim, N.W., Piatyszek, M.A., Prowse, K.R., Harley, C. B., West, M.D., Ho, P.L.C., Coviello, G.M., Wright, W.E., Weinrich, S.L. und Shay, J.W. (1994). Specific association of human telomerase activity with immortal cells and cancer. Science 266, 2011-2015.

Latchman, D.S. (1991). Eukaryotic transcription factors. Academic Press Limited, London.

- Lingner, J., Hughes, T.R., Shevchenko, A., Mann, M., Lundblad, V. und Cech T.R. (1997).

 Reverse transcriptase motifs in the catalytic subunit of telomerase. Science 276: 561-567.
 - Lundblad, V. und Szostak, J. W. (1989). A mutant with a defect in telomere elongation leads to senescence in yeast. Cell 57, 633-643.
 - McClintock, B. (1941). The stability of broken ends of chromosomes in Zea mays. Genetics 26, 234-282.
- Meyne, J., Ratliff, R. L. und Moyzis, R. K. (1989). Conservation of the human telomere sequence (TTAGGG)_n among vertebrates. Proc. Natl. Acad. Sci. 86, 7049-7053.
 - Olovnikov, A. M. (1973). A theory of marginotomy. J. Theor. Biol. 41, 181-190.
- Sandell, L. L. und Zakian, V. A. (1993). Loss of a yeast telomere: Arrest, recovery and chromosome loss. Cell 75, 729-739.
 - Shapiro, M.B., Senapathy, P., 1987. RNA splice junctions of different classes of eukaryotes: sequence statistics and functional implications in gene expression. Nucl. Acids Res. 15, 7155-7174.
- Smale, S.T. and Baltimore, D. (1989). The "initiator" as a transcription control element. Cell 57:103-113.

15

Smale, S.T. (1997). Transcription initation from TATA-less promoters within eukaryotic protein-coding genes. Biochimica et Biophysica Acta 1351, 73-88.

5 Shay, J. W. (1997). Telomerae and Cancer. Ciba Foundation Meeting: Telomeras and Telomerase. London.

Vaziri, H., Dragowska, W., Allsopp, R. C., Thomas, T. E., Harley, C.B. und Landsdorp, P.M. (1994). Evidence for a mitotic clock in human hematopoietic stem cells: Loss of telomeric DNA with age. Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 9857-9860.

Wick, M., Härönen, R., Mumberg, D., Bürger, C., Olsen, B.R., Budarf, M.L., Apte, S. S. and Müller, R. (1995). Structure of the human TIMP-3 gene and its cell-cycle-regulated promoter. Biochemical Jornal 311, 549-554.

Zakian, V. A. (1995). Telomeres: Beginning to understand the end. Science 270, 1601-1607.

Patentansprüche

1. Regulatorische DNA-Sequenzen für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit.

5

 DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um Intronsequenzen gemäß SEQ ID NO 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 und/oder 20 oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser Sequenzen handelt.

10

3. DNA-Sequenzen gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es sich um die 5'-flankierende regulatorische DNA-Sequenz für das Gen der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit gemäß Fig. 10 (SEQ ID NO 3) oder um regulatorisch wirksame Fragmente dieser DNA-Sequenz handelt.

15

4. Rekombinantes Konstrukt, enthaltend eine DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3.

20

- 5. Rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß es weiterhin eine oder mehrere DNA-Sequenzen enthält, die für Polypeptide oder Proteine kodieren.
- 6. Vektor, enthaltend ein rekombinantes Konstrukt gemäß Anspruch 4 oder 5.

- 7. Verwendung von rekombinanten Konstrukten bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6 zur Herstellung von Arzneimitteln.
- 8. Rekombinante Wirtszellen, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß einem der Ansprüche 4 bis 6.

- 9. Verfahren zur Identifizierung von Substanzen, die die Promotor-, Silenceroder Enhanceraktivität der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit
 beeinflussen, das folgende Schritte umfaßt:
- A. Zugabe einer Kandidatensubstanz zu einer Wirtszelle, enthaltend DNA-Sequenzen gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3, funktionell verknüpft mit einem Reportergen,
 - B. Messung des Substanzeffektes auf die Reportergenexpression.

15

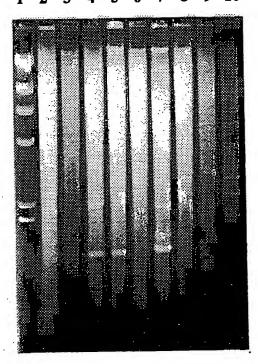
- 10. Verfahren zur Identifizierung von Faktoren, die spezifisch an die DNA gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder an Fragmente davon binden, dadurch gekennzeichnet, daß man eine Expressions-cDNA-Bibliothek mit einer DNA-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 3 oder Teilfragmenten unterschiedlichster Länge als Sonde screent.
- 11. Transgene Tiere, enthaltend rekombinante Konstrukte bzw. Vektoren gemäß Ansprüchen 4 bis 6.
- 20 12. Verfahren zur Detektion Telomerase-assoziierter Zustände bei einem Patienten, das folgende Schritte umfaßt:
 - A. Inkubation eines rekombinanten Konstruktes bzw. Vektors gemäß Ansprüchen 4 bis 6 das bzw. der zusätzlich ein Reportergen enthält mit Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben,
 - B. Detektion der Reportergenaktivität, um einen diagnostischen Wert zu erhalten,

C. Vergleich des diagnostischen Wertes mit Standardwerten für das Reportergenkonstrukt in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe.

Fig. 1

A

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10



В

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10

Fig. 2

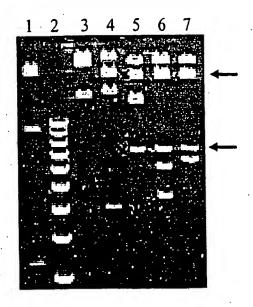


Fig. 3

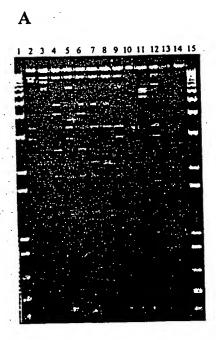






Fig. 4

| • | | | | | | | |
|------------|------------|--------------|------------|------------|--------------|------------|------|
| GAGCTCTGAA | CCGTGGAAAC | GAACATGACC | CTTGCCTGCC | TGCTTCCCTG | GGTGGGTCAA | GGGTAATGAA | 70 |
| GTGGTGTGCA | GGAAATGGCC | ATGTAAATTA | CACGACTCTG | CTGATGGGGA | CCGTTCCTTC | CATCATTATT | 140 |
| CATCTTCACC | CCCAAGGACT | GAATGATTCC | AGCAACTTCT | TCGGGTGTGA | CAAGCCATGA | CAAAACTCAG | 210 |
| | | TAGGCCCACA | | | | | 280 |
| | | ACCAGGCTGG | | | | | 350 |
| | | CCCAAATTCT | | | | | 420 |
| | | ACACTGAGGC | | | | | 490 |
| | | CTGGGTGGGC | | | | | 560 |
| | | CACGGTTCCT | | | | | 630 |
| | | TGCGCCTCCC | | | | | 700 |
| | | GGCTGCACGC | | | | | 770 |
| | | CTTCTGTTTC | | | | | 840 |
| | | TAGGCATAGG | | | | | 910 |
| | | AGTGCCTGTC | | | | | 980 |
| | | TCTGCCCAGC | | | | | |
| | | CTCTTCCCAA | | | | | |
| | | CGCACATCAT | | | | | |
| | | AAATCCCTGC | | | | | |
| | | TCACAGTGAA | | | | | |
| | | TGCCACCTCC | | | | | |
| | | TTAGGGGGGT | | | | | |
| | | CCTGGTTCTG | | | | | |
| | | GGCTGTGCCA | | | | | |
| | | TCCCCCAAAC | | | | | |
| | | GAGGTCTGGG | | | | | |
| | | AGGAGGGTCA | | | | | |
| | | CCTCGAGCCC | | | | | |
| | | CAGCAGGAAG | | | | | |
| | | AGGGCACTCG | | | | | |
| | | TGTGAATCTA | | | | | |
| CAGGGCTGAA | GTGCCTCCGG | GCAAGGGCAG | GGCAGGCACG | AGTGATTTTA | TTTAGCTATT | TTATTTTATT | 2170 |
| | | GTTATGCTCT | | | | | |
| | | GTTCAAGCAA | | | | | |
| GTGCACCACC | ACACCCGGCT | AATTTTGTAT | TTTTAGTAGA | GATGGGCTTT | CACCATGTTG | GTCAAGCTGA | 2380 |
| TCTCAAAATC | CTGACCTCAG | GTGATCCGCC | CACCTCAGCC | TCCCAAAGTG | CTGGGATTAC | AGGCATGAGC | 2450 |
| CACTGCACCT | GGCCTATTTA | ACCATTTAA | AACTTCCCTG | GGCTCAAGTC | ACACCCACTG | GTAAGGAGTT | 2520 |
| CATGGAGTTC | AATTTCCCCT | TTACTCAGGA | GTTACCCTCC | TTTGATATTT | TCTGTAATTC | TTCGTAGACT | 2590 |
| GGGGATACAC | CGTCTCTTGA | CATATTCACA | GTTTCTGTGA | CCACCTGTTA | TCCCATGGGA | CCCACTGCAG | 2660 |
| GGGCAGCTGG | GAGGCTGCAG | GCTTCAGGTC | CCAGTGGGGT | TGCCATCTGC | CAGTAGAAAC | CTGATGTAGA | 2730 |
| ATCAGGGCGC | AAGTGTGGAC | ACTGTCCTGA | ATCTCAATGT | CTCAGTGTGT | GCTGAAACAT | GTAGAAATTA | 2800 |
| AAGTCCATCC | CTCCTACTCT | ACTGGGATTG | AGCCCCTTCC | CTATCCCCC | CCAGGGGCAG | AGGAGTTCCT | 2870 |
| CTCACTCCTG | TGGAGGAAGG | AATGATACTT | TGTTATTTT | CACTGCTGGT | ACTGAATCCA | CTGTTTCATT | 2940 |
| TGTTGGTTTG | TTTGTTTTGT | TTTGAGAGGC | GGTTTCACTC | TTGTTGCTCA | GCTGGAGGG | AGTGCAATGG | 3010 |
| CGCGATCTTG | GCTTACTGCA | GCCTCTGCCT | CCCAGGTTCA | AGTGATTCTC | CTGCTTCCGC | CTCCCATTTG | 3080 |
| GCTGGGATTA | CAGGCACCCG | CCACCATGCC | CAGCTAATTT | TTTGTATTT | TAGTAGAGAC | CCCCCTCCCT | 3150 |
| GGGGTTCACC | ATGTTGGCCA | GCTGGTCTC | GAACTTCTGA | CCTCAGATG | . TCCACCTGCC | TCTGCCTCCT | 3220 |
| AAAGTGCTGG | GATTACAGGT | GTGAGCCACC | ATGCCCAGCT | CAGAATTTAC | : TCTGTTTAGA | AACATCTGGG | 3290 |
| TCTGAGGTAG | GAAGCTCACC | CCACTCAAGT | GTTGTGGTGT | TTTAAGCCA | TGATAGAATI | TTTTTATTGT | 3360 |
| | | TTTACACTGT | | | | | |
| | | GTCTTCTGGG | | | | | |
| CCATGCACAT | GGTGTTAATI | ACTCCAGCAT | AATCTTCTGC | TTCCATTTC | TCTCTTCCCI | CTITTAAAAT | 3570 |
| | | CTCTGCAGAG | | | | | |
| | | CCTAGTGGCA | | | | | |
| | | AAGAGCGACC | | | | | |
| | | GGTGCGAGGC | | | | | |
| | | AAGGTTACAT | | | | | |
| | | A GCCTCGGG | | | | | |
| | | r GGGAAGTCC1 | | | | | |
| GGACCAGTGG | CCGTGTGGCT | TCTACTGCT | GCTGGAAGI | CGGGCCTCC | r AGCTCTGCAG | TCCGAGGCTT | 4130 |

5 / 15

Fig. 4 (Fortsetzung)

| CACAGCCTAG | GCCGATTCGA | CCTCTCTCCG | CTGGGGCCCT | CGCTGGCGTC | CCTGCACCCT | GGGAGCGCGA | 4760 |
|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| cceccecec | GGCGGGGAAG | CGCGGCCCAG | ACCCCCGGGT | CCGCCCGGAG | CAGCTGCGCT | GTCGGGGCCA | 4830 |
| GCCCGGGCTC | CCAGTGGATT | CGCGGGCACA | GACGCCCAGG | ACCGCGCTCC | CCACGTGGCG | GAGGGACTGG | 4900 |
| GENCCCGGGC | ACCCGTCCTG | CCCCTTCACC | TTCCAGCTCC | GCCTCCTCCG | CGCGGACCCC | GCCCCGTCCC | 4970 |
| GACCCCTCCC | GGGTCCCCGG | CCCAGCCCCC | TCCGGGCCCT | CCCAGCCCCT | CCCCTTCCTT | TCCGCGGCCC | 5040 |
| CGCCCTCTCC | TCGCGGCGCG | AGTTTCAGGC | AGCGCTGCGT | CCTGCTGCGC | ACGTGGGAAG | CCCTGGCCCC | 5110 |
| GGCCACCCCC | GCGATG | | | | | | 2170 |

Fig. 5

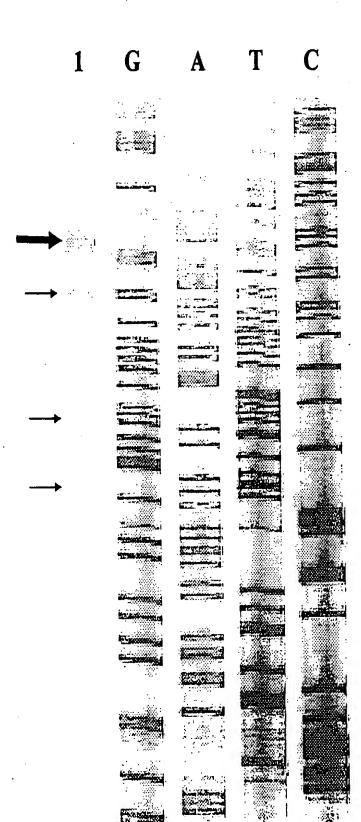
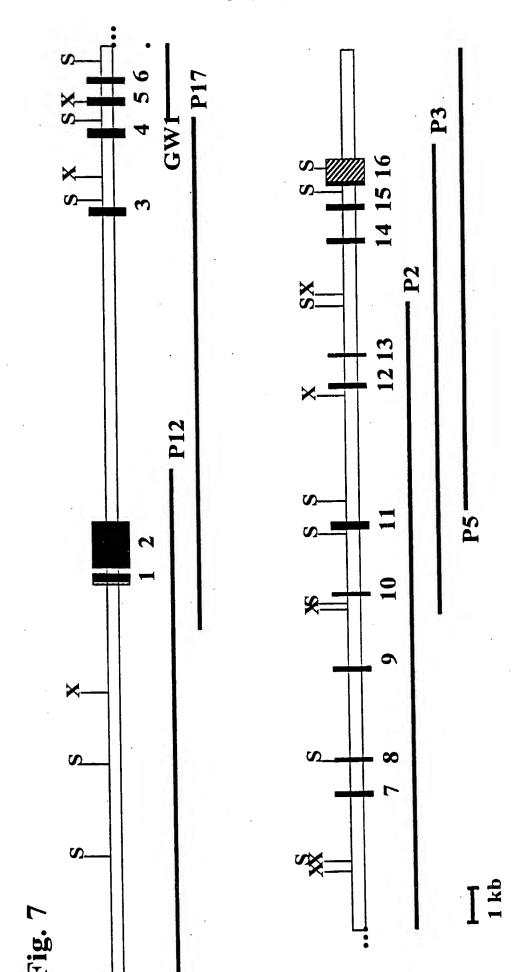


Fig. 6

| | | | | | 0038000000 | 70 |
|--|---------------------------------------|---------------|-------------|--------------|--------------|------|
| GTTTCAGGCA GCGCTGCGT | C CTGCTGCGCA | CGTGGGAAGC | CCTGGCCCCG | GCCACCCCCG | COATGCCGCG | 140 |
| CGCTCCCCGC TGCCGAGCC | G TGCGCTCCCT | GCTGCGCAGC | CACTACCGCG | AGGTGCTGCC | GCIGGCCACG | 210 |
| TTCGTGCGGC GCCTGGGGC | C CCAGGGCTGG | CGGCTGGTGC | AGCGCGGGGA | CCCGGCGGCT | TTCCGCGCGC | 280 |
| TGGTGGCCCA GTGCCTGGT | G TGCGTGCCCT | GGGACGCACG | GCCGCCCCC | GCCGCCCCCT | COTTCCGCCA | 350 |
| GGTGTCCTGC CTGAAGGA | C TGGTGGCCCG | AGTGCTGCAG | AGGCTGTGCG | AGCGCGGCGC | GAAGAACGIG | 420 |
| CTGGCCTTCG GCTTCGCGC | T GCTGGACGGG | GCCCGCGGGG | GCCCCCCGA | GGCCTTCACC | ACCAGCGTGC | 490 |
| GCAGCTACCT GCCCAACAG | G GTGACCGACG | CACTGCGGGG | GAGCGGGGCG | TGGGGGCTGC | TGCTGCGCCG | |
| CGTGGGCGAC GACGTGCT | G TTCACCTGCT | GGCACGCTGC | GCGCTCTTTG | TGCTGGTGGC | TCCCAGCTGC | 560 |
| GCCTACCAGG TGTGCGGGG | CC GCCGCTGTAC | CAGCTCGGCG | CTGCCACTCA | GGCCCGGCCC | CCGCCACACG | 630 |
| CTAGTGGACC CCGAAGGC | ST CTGGGATGCG | AACGGGCCTG | GAACCATAGC | GTCAGGGAGG | CCGGGGTCCC | 700 |
| CCTGGGCCTG CCAGCCCC | GG GTGCGAGGAG | GCGCGGGGC | AGTGCCAGCC | GAAGTCTGCC | GTTGCCCAAG | 770 |
| AGGCCCAGGC GTGGCGCT | SC CCCTGAGCCG | GAGCGGACGC | CCGTTGGGCA | GGGGTCCTGG | GCCCACCCGG | 840 |
| GCAGGACGCG TGGACCGA | ST GACCGTGGTT | TCTGTGTGGT | GTCACCTGCC | AGACCCGCCG | AAGAAGCCAC | 910 |
| CTCTTTGGAG GGTGCGCT | T CTGGCACGCG | CCACTCCCAC | CCATCCGTGG | GCCGCCAGCA | CCACGCGGGC | 980 |
| CCCCCATCCA CATCGCGG | CC ACCACGTCCC | TGGGACACGC | CTTGTCCCCC | GGTGTACGCC | GAGACCAAGC | 1050 |
| ACTTCCTCTA CTCCTCAG | GC GACAAGGAGC | AGCTGCGGCC | CTCCTTCCTA | CTCAGCTCTC | TGAGGCCCAG | 1120 |
| CCTGACTGGC GCTCGGAG | GC TCGTGGAGAC | CATCTTTCTG | GGTTCCAGGC | CCTGGATGCC | AGGGACTCCC | 1190 |
| CGCAGGTTGC CCCGCCTG | CC CCAGCGCTAC | TGGCAAATGC | GGCCCCTGTT | TCTGGAGCTG | CTTGGGAACC | 1260 |
| ACGCGCAGTG CCCCTACG | GG GTGCTCCTCA | AGACGCACTG | CCCGCTGCGA | GCTGCGGTCA | CCCCAGCAGC | 1330 |
| CGGTGTCTGT GCCCGGGA | GA AGCCCCAGGG | CTCTGTGGCG | GCCCCCGAGG | AGGAGGACAC | AGACCCCCGT | 1400 |
| CGCCTGGTGC AGCTGCTC | CG CCAGCACAGO | AGCCCCTGGC | AGGTGTACGG | CTTCGTGCGG | GCCTGCCTGC | 1470 |
| GCCGGCTGGT GCCCCCAG | CTCTGGGGCT | CCAGGCACAA | CGAACGCCGC | TTCCTCAGGA | ACACCAAGAA | 1540 |
| GTTCATCTCC CTGGGGAA | CC ATCCCAACCT | CTCGCTGCAG | GAGCTGACGT | GGAAGATGAG | CGTGCGGGAC | 1610 |
| TGCGCTTGGC TGCGCAGG | AG CCCAGGGGTT | GCTGTGTTC | CGGCCGCAGA | GCACCGTCTG | CGTGAGGAGA | 1680 |
| TCCTGGCCAA GTTCCTGC | AC TECETEATES | GTGTGTACGT | CGTCGAGCTG | CTCAGGTCTT | TCTTTTATGT | 1750 |
| CACGGAGACC ACGTTTCA | AN ACABCAGGGG | | CGGAAGAGTG | TCTGGAGCAA | GTTGCAAAGC | 1820 |
| ATTGGAATCA GACAGCAC | AA AGAACAGGCTO | CACCTCCCC | ACCTCTCGGA | AGCAGAGGTC | AGGCAGCATC | 1890 |
| GGGAAGCCAG GCCCGCCC | ac cacyccacc; TI Gwynnwa ar | CACTCCCTT | CATCCCCAAG | CCTGACGGGC | TGCGGCCGAT | 1960 |
| TGTGAACATG GACTACGT | CC MCCCSCCCSC | : AACICCCII | ACACAAAAGA | GGGCCGAGCG | TCTCACCTCG | 2030 |
| AGGGTGAAGG CACTGTTC | CC TOGGWACCW | MACCACCCC | רכרפפרפרפר | CGGCCTCCTG | CCCCCTCTG | 2100 |
| AGGGTGAAGG CACTGTTC TGCTGGGCCT GGACGATA | AG CGTGCTCAAC | , INCONSCOS | | CTCCGGGCCC | AGGACCCGCC | 2170 |
| TGCTGGGCCT GGACGATA GCCTGAGCTG TACTTTGT | TO CACAGGGCC | CACCCCCCC | COLOCIOCOL | TCCCCCACCA | CAGGCTCACG | 2240 |
| GCCTGAGCTG TACTTTGT GAGGTCATCG CCAGCATC | CA AGGTGGATG | CALGGGGGGGGGG | - TWCGWCWCC | CTATCCCCTC | GTCCAGAAGG | 2310 |
| GAGGTCATCG CCAGCATC | AT CAAACCCCA | AACACGTACT | CACARCCATCA | ACACACCTCC | ACCCCTACAT | 2380 |
| CCGCCCATGG GCACGTCC | GC AAGGCCTTC | AGAGCCACGI | CICIACCIIG | MCCACACCTCC | GCAGAGCTCC | 2450 |
| GCGACAGTTC GTGGCTCA | CC TGCAGGAGAG | CAGCCCGCTG | AGGGATGCCG | CTCCCACCAC | CCCCTCCCA | 2520 |
| TCCCTGAATG AGGCCAGC | AG TGGCCTCTT | GACGTCTTCC | TACGCTTCAT | GIGCUACCAC | , GCCGIGCGCA | 2590 |
| TCAGGGGCAA GTCCTACG | TC CAGTGCCAG | GGATCCCGCA | GGGCTCCATC | CTCTCCACGC | , IGCICIGANG | 2660 |
| CCTGTGCTAC GGCGACAT | GG AGAACAAGC | r GTTTGCGGGG | ATTCGGCGGG | ACGGGCTGCT | COLGOGIATO | 2730 |
| GTGGATGATT TCTTGTT | GT GACACCTCA | C CTCACCCACG | CGAAAACCTI | CCTCAGGACC | CIGGICCOAG | 2900 |
| GTGTCCCTGA GTATGGCT | GC GTGGTGAAC | r TGCGGAAGAC | AGTGGTGAAC | TTCCCTGTAG | ARGALGAGG | 2000 |
| CCTGGGTGGC ACGGCTT | TG TTCAGATGC | C GGCCCACGGC | CTATTCCCCT | GGTGCGGCC | GCTGCTGGAT | 2010 |
| ACCCGGACCC TGGAGGTO | CA GAGCGACTA | C TCCAGCTATO | CCCGGACCTC | CATCAGAGC | AGTETCACCT | 2940 |
| TCAACCGCGG CTTCAAGG | CT GGGAGGAAC | A TGCGTCGCAF | ACTCTTTGGG | GTCTTGCGG | TGAAGTGTCA | 3010 |
| CAGCCTGTTT CTGGATT | GC AGGTGAACA | G CCTCCAGACO | GTGTGCACC | ACATCTACA | A GATCCTCCTG | 3080 |
| CTGCAGGCGT ACAGGTT | CA CGCATGTGT | G CTGCAGCTC | CATTTCATC | CCAAGTTTG(| AAGAACCCCA | 3150 |
| CATTTTTCCT GCGCGTCI | ATC TCTGACACG | G CCTCCCTCTC | CTACTCCATO | : CTGAAAGCC | A AGAACGCAGG | 3220 |
| GATGTCGCTG GGGGCCAI | AGG GCGCCGCCG | G CCCTCTGCC | CICCGAGGCCC | : TGCAGTGGC | r Gigccaccaa | 3290 |
| GCATTCCTGC TCAAGCT | AC TEGACACEG | T GTCACCTAC | G TGCCACTCC | ' GGGGTCACT | C AGGACAGCCC | 3360 |
| AGACGCAGCT GAGTCGG | AAG CTCCCGGGG | A CGACGCTGAG | TGCCCTGGA | GCCGCAGCC | A ACCCGGCACT | 3430 |
| GCCCTCAGAC TTCAAGA | CA TCCTGGACT | G ATGGCCACC | C GCCCACAGC | : AGGCCGAGAI | G CAGACACCAG | 3500 |
| CAGCCCTGTC ACGCCGG | CT CTACGTCCC | A GGGAGGGAG | G GGCGGCCCA | CACCCAGGCC | C GCACCGCTGG | 3570 |
| GAGTCTGAGG CCTGAGT | AG TGTTTGGCC | G AGGCCTGCA | r GTCCGGCTG | AGGCTGAGT | G TCCGGCTGAG | 3640 |
| GCCTGAGCGA GTGTCCA | CC AAGGGCTGA | G TGTCCAGCA | CACCTGCCGT | TTCACTTCC | C CACAGGCTGG | 3710 |
| CGCTCGGCTC CACCCCA | | C CTCACCAGG | A GCCCGGCTT | CACTCCCCA | C ATAGGAATAG | 3780 |
| COULCOCIC CACCLEA | and councilly | | | | | 0050 |



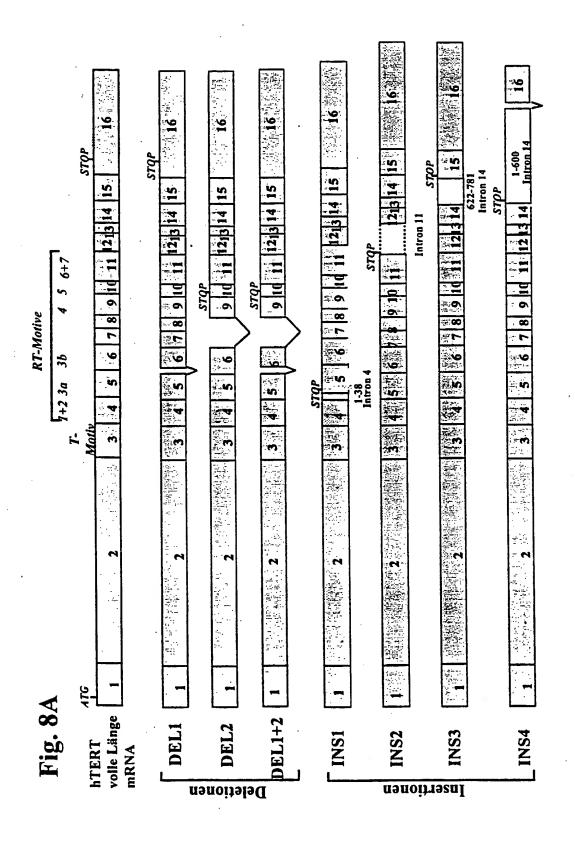
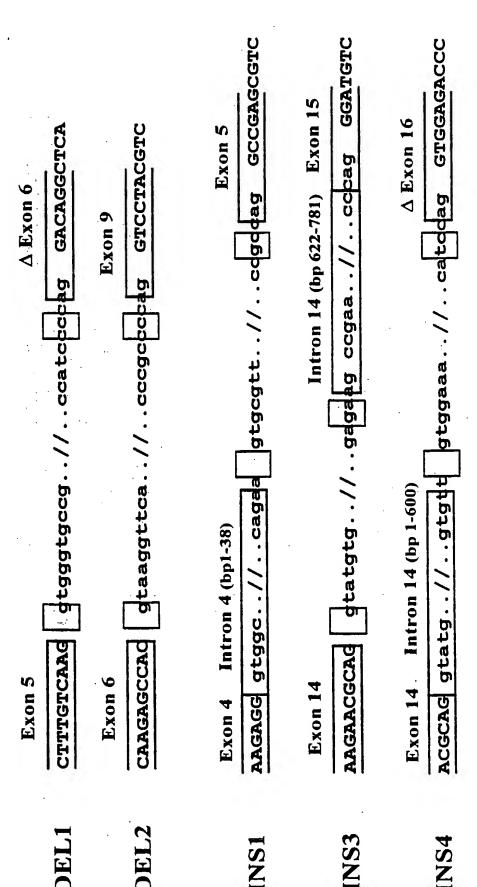
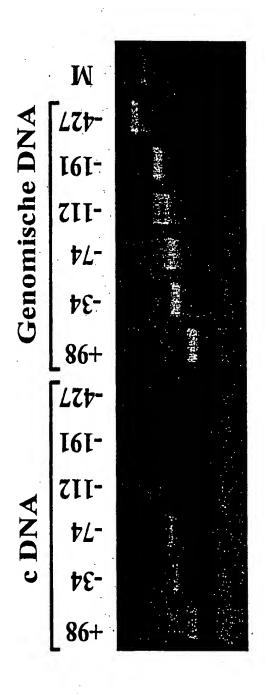


Fig. 8B





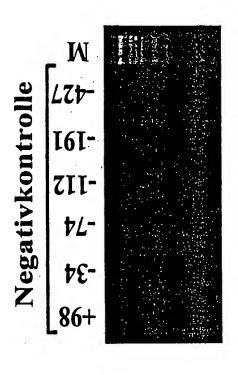


Fig. 9

Fig. 10

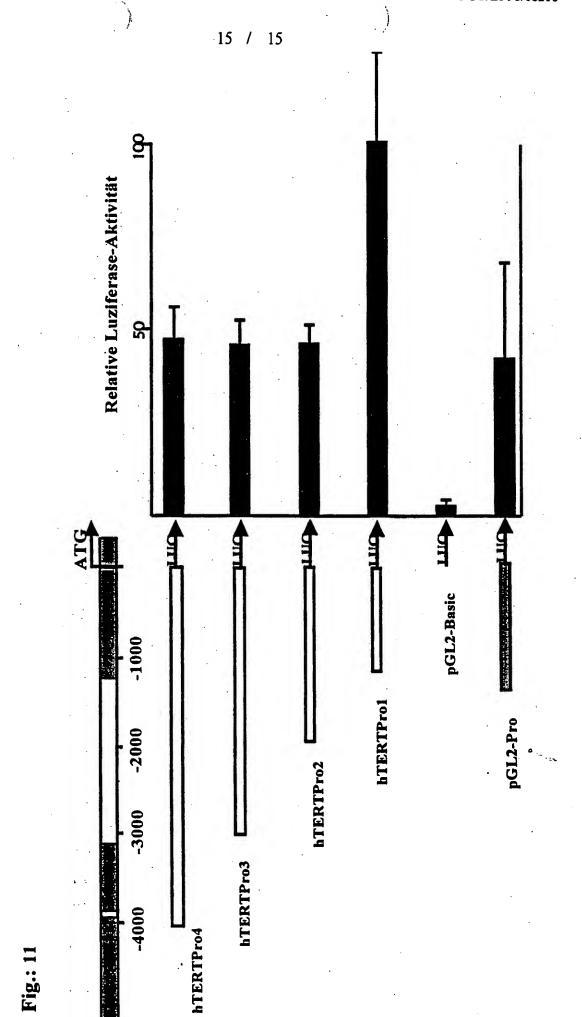
| ACTTGAGCCC | AAGAGTTCAA | GGCTACGGTG | AGCCATGATT | GCAACACCAC | ACGCCAGCCT | TGGTGACAGA | -11204 |
|-------------|------------|----------------|--------------------------|----------------|-------------------|------------|--------|
| ATGAGACCCT | GTCTCAAAAA | ААААААААА | AATTGAAATA | ATATAAAGCA | TCTTCTCTGG | CCACAGTGGA | -11134 |
| ACAAAACCAG | AAATCAACAA | CAAGAGGAAT | TTTGAAAACT | ATACAAACAC | ATGAAAATTA | AACAATATAC | -11064 |
| TTCTGAATGA | CCAGTGAGTC | AATGAAGAAA | TTAAAAAGGA | AATTGAAAAA | TTTATTTAAG | CAAATGATAA | -10994 |
| CGGAAACATA | ACCTCTCAAA | ACCCACGGTA | TACAGCAAAA | GCAGTGCTAA | GAAGGAAGTT | TATAGCTATA | -10924 |
| | | | GGCGCAGTGG | | | | |
| GCCAAGGCGG | GCAGATCGCC | TGAGGTCAGG | AGTTCGAGAC | CAGCCTGACC | AACACAGAGA | AACCTTGTCG | -10784 |
| CTACTAAAAA | TACAAAATTA | GCTGGGCATG | GTGGCACATG | CCTGTAATCC | CAGCTACTCG | GGAGGCTGAG | -10714 |
| | | | AGGTTGCGGT | | | | |
| | | | AAAAAAAA | | | | |
| | | | GCAAACTAAA | | | | |
| | | | AGATAACAAT | | | | |
| | | | TTTGCCCAGA | | | | |
| | | | CAACTGATAC | | | | |
| | | | AAACCTAGAA | | | | |
| | | | AGCCCAAACA | | | | |
| | | | AGGACCCAAT | | | | |
| | | | CTATTCTGAA | | | | |
| | | | AACCAGACAA | | | | |
| | | | CCTGATGAAT | | | | |
| | | | ATCATTCATT | | | | |
| | | | ATGTGATACA | | | | |
| | | | ATTTGATAAA | | | | |
| | | | CAGGCACAGT GGAGTTTGAG | | | | |
| | | | GGCATGATGG | | | | |
| | | | AGGTCGAGGC | | | | |
| | | | GAATAAGAAG | | | | |
| | | | GGAGAAGTGG | | | | |
| | | | TATATGACAG | | | | |
| | | | AGGGCCCACT | | | | |
| | | | AGAAATAAAA | | | | |
| | | | ATCTGGAAAA | | | | |
| | | | CAATGTACAA | | | | |
| | | | GCTACAAATA | | | | |
| | | | ATGTTGATAA | | | | |
| | | | AAATACTGTT | | | | |
| | | | ATGACGTTCT | | | | |
| | | | CCAAAGCTAT | | | | |
| | | | AGCTATAGTA | | | | |
| AGATGAGACA | TGGACCAGAG | GAACAGAATA | GAGAATCCAG | AAACAAATCC | ATGCATCTAC | AGTGAACTCA | -8404 |
| TTTTTGACAA | AGGTGCCAAG | AACATACTTT | GGGGAAAAGA | TAATCTCTTC | AATAAATGGT | GCTGGAGGAA | -8334 |
| | | | AGAACTCTGT | | | | |
| GGATGAAAGG | CTTAAATCTA | AAACCTCAAA | CTTTGCAACT | ACTAAAAGAA | AACACCGGAG | AAACTCTCCA | -8194 |
| GGACATTGGA | GTGGGCAAAG | ACTTCTTGAG | TAATTCCCTG | CAGGCACAGG | CAACCAAAGC | AAAAACAGAC | -8124 |
| AAATGGGATC | ATATCAAGTT | AAAAAGCTTC | TGCCCAGCAA | AGGAAACAAT | CAACAAAGAG | AAGAGACAAC | -8054 |
| | | | ATTCATCTAA | | | | |
| | | | ATAAGCTGAT | | | | |
| | | | AACAGGCATC | | | | |
| | | | ATCATCTCAT | | | | |
| AGGCAATAAC | AAATGCCAGT | GAGGATGTGG | ATAAAAGGAA | ACCCTTGGAC | ACTGTTGGTG | GGAATGGAAA | -7704 |
| TTGCTACCAC | TATGGAGAAC | AGTTTGAAAG | TTCCTCAAAA | AACTAAAAAT | AAAGCTACCA | TACAGCAATC | -7634 |
| CCATTGCTAG | GTATATACTC | CAAAAAAGGG | AATCAGTGTA | TCAACAAGCT | ATCTCCACTC | CCACATTTAC | -7564 |
| 1 GCAGCACTG | TTCATAGCAG | CCAAGGTTTG | GAAGCAACCT | CAGTGTCCAT | CAACAGACGA | ATGGAAAAAG | -7494 |
| CACCARCCC | GCACATACAC | AATGGAGTAC | TACGCAGCCA | TAAAAAAGAA | TGAGATCCTG | TCAGTTGCAA | -7424 |
| CTCCCTTT CT | GGCACTGGTC | AGTATGTTAA | GTGAAATAAG | CCAGGCACAG | AAAGACAAAC | TTTTCATGTT | -7354 |
| GETECCCO | *GTGGGAGCA | AAAATTAAAA | CAATTGACAT | AGAAATAGAG | GAGAATGGTG | GTTCTAGAGG | -7284 |
| TCCCTTCTTT | CTARCRACTA | GAGTCAACAA | TAATTTATTG | TATGTTTTAA | AATAACTAAA | AGAGTATAAT | -/214 |
| TTATTACACA | TTCTATCCC | GAAAGGATAA | ATGCTTGAAG | GTGACAGATA | CCCCATTTAC | CCTGATGTGA | -/144 |
| ADATA | TTAATCCCCT | GIATCAAAAT | ATCTCATGTA | TOCTATAGAT | ATAAACCCTA | CTATATTAAA | -/0/4 |
| GTGGATCACC | TGAGGTCACC | ACTEMENT A A C | CTCATGTCCG CAGTCTGGCC | ACCATCATCA | ACTITGGGAG | CEACGECGG | - 7004 |
| TACAAAAATT | ACCUPECCUM | CCTCCCACAT | ACCTGTAGTC | CCN ACTIVATION | AACCCIGICI | CIACTAAAGA | -6954 |
| TTGCTTGAAC | CTGGGAGGG | CACCTTCCAC | TGAGCCGAGA | TCATGCCACT | GCACTGCACC | CTCCCTCACA | -6704 |
| GAGCAAGACT | CCATCTCAAA | DUDDE TO CAR | AAAAAAGAAG | ATTALACTACI | TAATTTTTTT | CIGGGIGACA | -6724 |
| AATATATACT | СТАСТАТАТТ | ACADCTTADA | AATTAAAACA | מונתתתהווט | GTARTITIAL | ALTCOINIA | -6654 |
| AAATAAGAAC | AATGTATGTG | GGGTTTCTAG | CTTCTGAAGA | AGTAAAAGTT | ATGGCCACGA | TGGCAGAAAT | -6584 |
| | | JJJ1.1.01A0 | | | COCORCON | nonmi | 3304 |

Fig. 10

| · · · · · · · · · · · · · · · · · · · | |
|--|---|
| GTGAGGAGGG AACAGTGGAA GTTACTGTTG TTAGACGCTC ATACTCTCTG TAAGTGF | ACTT AATTTTAACC -6514 |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| AGGCGCCAG CGGGAATGCA AGGAGTCAGA AGCCCCCTGC TCAAACGCT TAAATCCCCCGGGCGTG TGCCAGAGGG AGAGGAGTCA AGGCACCTCG AAGTATGGCT TAAATC | TTTT TTTCACCTGA -5884 |
| CCCGGGCGTG TGCCAGAGGG AGAGGAGTCA AGGCACCTCG AAGTATGGCT TAAAAC | AGAA AGTCATGGAA -5814 |
| | |
| | CICI COCICION - |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| TOTAL CONTRACT OF THE PROPERTY | THE COLUMN TO THE TENT OF T |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| CAGGCACTCC CCCAGATTCT AGGGCCTGGT TGCTGCTTCC CGGCCTCCAG GCCTC CTGGGGTGCC ACACTGAGGC CAGCCCTGTC TCCACACCCT CCGCCTCCAG GCCTC | AGCTT CTCCAGCAGC -4624 |
| CTGGGGTGCC ACACTGAGGC CAGCCCTGTC TCCCCACCCCT CCGCCTGCCC CACTGTTCCTAAACC CTGGGTGGGC CGTGTTCCAG CGCTACTGTC TCACCTGTCC CACTGTTCCCAAACC | TGTCT TGTCTCAGCG -4554 |
| TTCCTAAACC CTGGGTGGGC CGTGTTCCAG CGCTACTGTC TCACCTGTCC ACACTC | CACAT GCGTTGAAGG -4484 |
| ACGTAGCTCG CACGGTTCCT CCTCACATGG GGTGTCTGTC TCCTTCCCCA ACACT | CCCC GATGCAGGTT -4414 |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| CCCGCCCTTC TCTGCCCAGC ACTTTCCTGC CCCCCTCCCT CTGGACACTT GCCCC ACTAAGCATC CTCTTCCCAA AAGACCCAGC ATTGGCACCC CTGGACATTT GCCCC | ACAGC CCIGGGAAII -5554 |
| | |
| CACGTGACTA CGCACATCAT GTACACACTC CCGTCCACGA CCGACCCCCG CTGTT | TTATT TTAATAGCTA -3924 |
| | |
| | |
| | |
| GAGTCAAAAC TGCCACCTCC ATGGGATACG TACGCAACAT GCTCAAAAAC ACGGGAGTGG TTAGGGGGGT TAAGGACGGT GGGGGGGGGG | CACGCA CCTTTTACTA -3644 |
| AGGGGAGTGG TTAGGGGGGT TAAGGACGGT GGGGGCGGCA GCIGGGGGCA ACCOUNT AGGCCAGTTT CCTGGTTCTG ATGGTATTGG CTCAGTTATG GGAGACTAAC CATAC | GGGGAG TGGGGATGGG -3574 |
| AAGCCAGTTT CCTGGTTCTG ATGGTATTGG CTCAGTTATG GGAGACTAAC CATAC GGAACCCGGA GGCTGTGCCA TCTTTGCCAT GCCCGGGGTGT CCTGGGCAGGC CTTTC | rgctct agagatgccc -3504 |
| GGAACCCGGA GGCTGTGCCA TCTTTGCCAT GCCCGAGIGI CCIGGGCAGG ATTTC | GCAGGT GTGATCTCCG -3434 |
| | |
| | |
| | |
| GGAGGGAGGG CCTCGAGCCC AGGCCTGCAA GCGCCTCCAG AAGCTGGACCC ATCGCAGGGCCC CACCAGGGCCC ACCAGGGCCC ACCAGG | TGGACC TCCGGCCTCC -3154 |
| ACGGAGCCTG CAGCAGGAAG GCACGGCTGG CCCTTAGCCC ACCAGGGCCG ATTT | GCAGAA GCAACAGGAA -3084 |
| ACGGAGCCTG CAGCAGGAAG GCACGGCTGG CCCTTAGCCC ACCAGGGGG ATTT GTGCCATAGG AGGGCACTCG CGCTGCCCTT CTAGCATGAA GTGTGTGGGG ATTT ACCCATGCAC TGTGAATCTA GGATTATTTC AAAACAAAGG TTTACAGAAA CATC | CAAGGA CAGGGCTGAA -3014 |
| ACCCATGCAC TGTGAATCTA GGATTATTTC AAAACAAAGG TTTACAGAAA CATC | TTTATT TACTTACTTT -2944 |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| | |
| CAGGCACCCG CCACCATGCC CAGCTAATTT TTTGTATTTT TAGTAGAGAC GGG | GGTGGGT GGGGTTCACC -1964 |
| CHORENCECO CONCENTRACE CHOCINATITE | |
| | |

Fig. 10

| ATGTTGGCCA GATTACAGGT | GGCTGGTCTC GTGAGCCACC | GAACTTCTGA ATGCCCAGCT | CAGAATTTAC | TCTGTTTAGA | TCTGCCTCCT AACATCTGGG | AAAGTGCTGG TCTGAGGTAG | -1894 -1824 |
|--------------------------|--------------------------|--------------------------|----------------------|---|--------------------------|--------------------------|----------------|
| GAAGCTCACC | CCACTCAAGT | GTTGTGGTGT | CAAT-1 TTTAAGCCAA | | TTTTTATTGT | TGTTAGAACA | -1754 |
| CTCTTGATGT | TTTACACTGT | GATGACTAAG | ACATCATCAG | CTTTTCAAAG | ACACACTAAC | TGCACCCATA | -1684 |
| ATACTGGGGT | GTCTTCTGGG | TATCAGCAAT | CTTÇATTGAA | TGCCGGGAGG | CGTTTCCTCG | CCATGCACAT | -1614 |
| GGTGTTAATT | ACTCCAGCAT | AATCTTCTGC | TTCCATTTCT | TCTCTTCCCT | CTTTTAAAAT | TGTGTTTTCT | -1544 |
| ATGTTGGCTT Sp1 | CTCTGCAGAG | AACCAGTGTA | AGCTACAACT | TAACTTTTGT | TGGAACAAAT | TTTCCAAACC | -1474 |
| GCCCCTTTGC | CCTAGTGGCA | GAGACAATTC | ACAAACACAG | CCCTTTAAAA | AGGCTTAGGG | ATCACTAAGG | -1404 |
| GGATTTCTAG | AAGAGCGACC | TGTAATCCTA | AGTATTTACA | AGACGAGGCT | AACCTCCAGC | GAGCGTGACA | -1334 |
| GCCCAGGGAG | GGTGCGAGGC | CTGTTCAAAT | GCTAGCTCCA | TAAATAAAGC | AATTTCCTCC | GGCAGTTTCT | -1264 |
| GAAAGTAGGA | AAGGTTACAT | TTAAGGTTGC | GTTTGTTAGC | ATTTCAGTGT | TTGCCGACCT | CAGCTACAGC | -1194 |
| ATCCCTGCAA | GGCCTCGGGA | GACCCAGAAG | TTTCTCGCCC | CCTTAGATCC | AAACTTGAGC | AACCCGGAGT | -1124 |
| CTGGATTCCT | GGGAAGTCCT | CAGCTGTCCT | GCGGTTGTGC | CGGGGCCCCA | GGTCTGGAGG. | GGACCAGTGG | -1054 |
| CCGTGTGGCT | TCTACTGCTG | GGCTGGAAGT | CGGGCCTCCT | AGCTCTGCAG | TCCGAGGCTT | GGAGCCAGGT | -984 |
| GCCTGGACCC | CGAGGCTGCC | CTCCACCCTG | TGCGGGCGGG | ATGTGACCAG | ATGTTGGCCT | CATCTGCCAG | -914 |
| | CCAC | | <i>Sp</i> | <u>)1 </u> | | | |
| GCGCCTGGCT | CCATTICCCA | CCCTTTCTCG | ACGGGACCGC | сссветесет | GATTAACAGA | TTTGGGGTGG | -774 |
| TTTGCTCATG | GTGGGGACCC | CTCGCCGCCT | GAGAACCTGC | AAAGAGAAAT | GACGGGCCTG | TGTCAAGGAG | -704 |
| CCCAAGTCGC | GGGGAAGTGT AP-2 | TGCAGGGAGG | CACTCCGGGA | GGTCCCGCGT | GCCCGTCCAG | GGAGCAATGC | -634 |
| GTCCTCGGGT | TCGTCCCCAG | CCCCGTCTAC | GCGCCTCCGT | CCTCCCCTTC | ACGTCCGGCA | TTCGTGGTGC | -564 |
| CCGGAGCCCG | ACGCCCCGCG | TCCGGACCTG | GAGGCAGCCC | TGGGTCTCCG | GATCAGGCCA | GCGGCCAAAG | -494 |
| GGTCGCCGCA | CGCACCTGTT | CCCAGGGCCT | CCACATCATG | GCCCCTCCCT | CGGGTTACCC | CACAGCCTAG Spl | -424 |
| GCCGATTCGA | CCTCTCTCCG | CTGGGGCCCT | CGCTGGCGTC Sp1 | CCTGCACCCT | GGGAGCGCGA | | -354 |
| GGCGGGAAG | CGCGGCCCAG | ACCCCCGGGT | | CAGCTGCGCT | GTCGGGGCCA | GGCCGGGCTC | -284 |
| CCAGTGGATT | CGCGGGCACA | GACGCCCAGG | ACCGCGCTCC | CACGTGGCG | GAGGGACTGG | GGACCCGGGC | -214 |
| ACCCGTCCTG | CCCCTTCACC | TTCCAGCTCC | GCCTCCTCCG | | | GACCCCTCCC Sp1 | -144 |
| GGGTCCCCGG | CCCAGCCCCC | TCCGGGCCCT | | | TCCGCGGCCC | | -74 |
| TCGCGGCGCG | AGTTTCAGGC | AGCGCTGCGT | сстестесе | <u>c-Myc</u> ACGTGGGAAG | CCCTGGCCCC | GGCCACCCC | -4 |
| GCGATG | i | | | | | | 3 |



SEQUENZPROTOKOLL

```
<110> Bayer AG
 5
        <120> Regulatorische DNA-Sequenzen aus der 51-Region vom Gen
              der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit und
              deren diagnostische und therapeutische Verwendung
        <130> LeA32805-Ausland
10
        <140>
        <141>
        <160> 20
15
        <170> PatentIn Vers. 2.0
        <210> 1
        <211> 5126
20
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
        <400> 1
        qaqctctqaa ccqtqqaaac qaacatgacc cttgcctgcc tgcttccctg ggtgggtcaa 60
25
        gggtaatgaa gtggtgtgca ggaaatggcc atgtaaatta cacgactctg ctgatgggga 120
        cogttoctto catcattatt catcttcaco cocaaggact gaatgattoc agcaacttot 180
        tcgggtgtga caagccatga caaaactcag tacaaacacc actcttttac taggcccaca 240
        gagcacgggc cacacccctg atatattaag agtccaggag agatgaggct gctttcagcc 300
        accaggotgg ggtgacaaca goggotgaac agtotgttoc totagactag tagaccotgg 360
30
        caggcactcc cccaaattct agggcctggt tgctgcttcc cgagggcgcc atctgccctg 420
        gagactcagc ctggggtgcc acactgaggc cagccctgtc tccacaccct ccgcctccag 480
        gcctcagctt ctccagcagc ttcctaaacc ctgggtgggc cgtgttccag cgctactgtc 540
        tcacctgtcc cactgtgtct tgtctcagcg acgtagctcg cacggttcct cctcacatgg 600
        ggtgtctgtc tccttcccca acactcacat gcgttgaagg gaggagattc tgcgcctccc 660
        agactggctc ctctgagcct gaacctggct cgtggccccc gatgcaggtt cctggcgtcc 720
35
        ggctgcacgc tgacctccat ttccaggcgc tccccgtctc ctgtcatctg ccggggcctg 780
        coggtgtgtt cttctgtttc tgtgctcctt tccacgtcca gctgcgtgtg tctctgcccg 840
        ctagggtctc ggggttttta taggcatagg acgggggcgt ggtgggccag ggcgctcttg 900
        ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca 960
40
         caggeetggg gatggageee eegeeaggga eeegeeette tetgeeeage aettteetge 1020
         cccctccct ctggaacaca gagtggcagt ttccacaagc actaagcatc ctcttcccaa 1080
        aagacccage attggcaccc ctggacattt gccccacage cctgggaatt cacgtgacta 1140
         cgcacatcat gtacacactc ccgtccacga ccgacccccg ctgttttatt ttaatagcta 1200
         caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca 1260
45
         tccgcacggt ggacagttcc tcacagtgaa gaggaacatg ccgtttataa agcctgcagg 1320
         catctcaagg gaattacgct gagtcaaaac tgccacctcc atgggatacg tacgcaacat 1380
         gctcaaaaag aaagaatttc accccatggc aggggagtgg ttaggggggt taaggacggt 1440
         gggggcggca gctgggggct actgcacgca ccttttacta aagccagttt cctggttctg 1500
         atggtattgg ctcagttatg ggagactaac cataggggag tggggatggg ggaacccgga 1560
50
         ggctgtgcca tctttgccat gcccgagtgt cctgggcagg ataatgctct agagatgccc 1620
         acgtcctgat tcccccaaac ctgtggacag aacccgcccg gccccagggc ctttgcaggt 1680
         gtgatctccg tgaggaccct gaggtctggg atccttcggg actacctgca ggcccgaaaa 1740
         gtaatccagg ggttctggga agaggcgggc aggagggtca gaggggggca gcctcaggac 1800
         gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa 1860
55
         gcgcctccag aagctggaaa aagcggggaa gggaccctcc acggagcctg cagcaggaag 1920
         gcacggctgg cccttagccc accagggccc atcgtggacc tccggcctcc gtgccatagg 1980
         agggcactcg cgctgccctt ctagcatgaa gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa 2040
         acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc aaaacaaagg tttacagaaa catccaagga 2100
         cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag ggcaggcacg agtgatttta tttagctatt 2160
         ttattttatt tacttacttt ctgagacaga gttatgctct tgttgcccag gctggagtgc 2220
60
         ageggeatga tettggetea etgeaacete egteteetgg gtteaageaa ttetegtgee 2280
         tragcetece aagtagetgg gattteagge gtgcaccace acaccegget aattttgtat 2340
         ttttagtaga gatgggcttt caccatgttg gtcaagctga tctcaaaatc ctgacctcag 2400
         gtgatccgcc cacctcagcc tcccaaagtg ctgggattac aggcatgagc cactgcacct 2460
```

ggcctattta accattttaa aacttccctg ggctcaagtc acacccactg gtaaggagtt 2520 catggagttc aatttcccct ttactcagga gttaccctcc tttgatattt tctgtaattc 2580

```
ttcgtagact ggggatacac cgtctcttga catattcaca gtttctgtga ccacctgtta 2640
         teceatggga eccaetgeag gggeagetgg gaggetgeag getteaggte ecagtggggt 2700
 5
         tgccatctgc cagtagaaac ctgatgtaga atcagggcgc aagtgtggac actgtcctga 2760
        atctcaatgt ctcagtgtgt gctgaaacat gtagaaatta aagtccatcc ctcctactct 2820
        actgggattg agccccttcc ctatcccccc ccaggggcag aggagttcct ctcactcctg 2880
        tggaggaagg aatgatactt tgttattttt cactgctggt actgaatcca ctgtttcatt 2940
        tgttggtttg tttgttttgt tttgagaggc ggtttcactc ttgttgctca ggctggaggg 3000
10
        agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca gcctctgcct cccaggttca agtgattctc 3060
        etgetteege eteceatttg getgggatta caggeaceeg ecaccatgee cagetaattt 3120
         tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc 3180
        gaacttotga cotcagatga tocacotgoo totgootoot aaagtgotgg gattacaggt 3240
        gtgagccacc atgcccagct cagaatttac tctgtttaga aacatctggg tctgaggtag 3300
15
        gaageteace ecacteaagt gttgtggtgt tttaagecaa tgatagaatt tttttattgt 3360
        tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt gatgactaag acatcatcag cttttcaaag 3420
         acacactaac tgcacccata atactggggt gtcttctggg tatcagcaat cttcattgaa 3480
         tgccgggagg cgtttcctcg ccatgcacat ggtgttaatt actccagcat aatcttctgc 3540
        ttecatttet tetetteect ettttaaaat tgtgttttet atgttggett etetgeagag 3600
20
        aaccagtgta agctacaact taacttttgt tggaacaaat tttccaaacc gcccctttgc 3660
        cctagtggca gagacaattc acaaacacag ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg 3720
        ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta agtatttaca agacgaggct aacctccagc 3780
        gagegtgaca geccagggag ggtgegagge etgtteaaat getageteea taaataaage 3840
        aattteetee ggeagtttet gaaagtagga aaggttaeat ttaaggttge gtttgttage 3900
25
        atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc atccctgcaa ggcctcggga gacccagaag 3960
        tttctcgccc ccttagatcc aaacttgagc aacccggagt ctggattcct gggaagtcct 4020
        cagctgtcct geggttgtgc eggggeeeca ggtetggagg ggaccagtgg eegtgtgget 4080
        totactgotg ggotggaagt ogggootect agototgoag toogaggott ggagocaggt 4140
        gcctggaccc cgaggctgcc ctccaccctg tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct 4200
30
        catctgccag acagagtgcc ggggcccagg gtcaaggccg ttgtggctgg tgtgaggcgc 4260
        coggtgogog gccagcagga gcgcctggct ccatttccca ccctttctcg acgggaccgc 4320
        cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct 4380
        gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt 4440
        tgcagggagg cactceggga ggteccgegt gecegtecag ggagcaatge gteetegggt 4500
35
        tegtecceag cegegtetac gegeeteegt ceteceette aegteeggea ttegtggtge 4560
        coggageceg acgeecegeg teeggacetg gaggeagece tgggteteeg gateaggeea 4620
        geggeeaaag ggtegeegea egeacetgtt eecagggeet ceacateatg geeeeteeet 4680
        egggttacce cacagectag geegattega ceteteteeg etggggeeet egetggegte 4740
        cctgcaccct gggagcgcga gcggcgcgcg ggcggggaag cgcggcccag acccccgggt 4800
40
        ccgcccggag cagctgcgct gtcggggcca ggccgggctc ccagtggatt cgcgggcaca 4860
        gacgeccagg accgegetee ccaegtggeg gagggactgg ggacceggge accegteetg 4920
        eccetteace treeagetee geeteeteeg egeggaeece geecegteee gaeeeeteec 4980
        gggtccccgg cccagccccc tccgggccct cccagcccct ccccttcctt tccgcggccc 5040
        egecetetee tegeggegeg agttteagge agegetgegt eetgetgege aegtgggaag 5100
45
        ccctggcccc ggccaccccc gcgatg
         <210> 2
        <211> 4042
         <212> DNA
50
         <213> Homo sapiens
        gtttcaggca gcgctgcgtc ctgctgcgca cgtgggaagc cctggccccg gccacccccg 60
        cgatgccgcg cgctccccgc tgccgagccg tgcgctccct gctgcgcagc cactaccgcg 120
55
        aggtgetgee getggeeacg ttegtgegge geetggggee ceagggetgg eggetggtge 180
        agegegggga ceeggegget tteegegege tggtggeeca gtgeetggtg tgegtgeect 240
        gggacgcacg gccgccccc gccgcccct ccttccgcca ggtgtcctgc ctgaaggagc 300
        tggtggcccg agtgctgcag aggctgtgcg agcgcggcgc gaagaacgtg ctggccttcg 360
        gettegeget getggaeggg geeegegggg geeeceega ggeetteace accagegtge 420
60
         gcagctacct gcccaacacg gtgaccgacg cactgcgggg gagcggggcg tgggggctgc 480
         tgctgcgccg cgtgggcgac gacgtgctgg ttcacctgct ggcacgctgc gcgctctttg 540
         tgctggtggc tcccagctgc gcctaccagg tgtgcgggcc gccgctgtac cagctcggcg 600
         etgecactea ggeceggeee eegecacaeg etagtggace eegaaggegt etgggatgeg 660
         aacgggcctg gaaccatagc gtcagggagg ccggggtccc cctgggcctg ccagccccgg 720
65
         gtgcgaggag gcgcgggggc agtgccagcc gaagtctgcc gttgcccaag aggcccaggc 780
```

```
gtggcgctgc ccctgagccg gagcggacgc ccgttgggca ggggtcctgg gcccacccgg 840
            gcaggacgcg tggaccgagt gaccgtggtt tctgtgtggt gtcacctgcc agacccgccg 900
            aagaagccac ctctttggag ggtgcgctct ctggcacgcg ccactcccac ccatccgtgg 960
            geogecagea ceaegeggge eccecateea categeggee accaegteee tgggacaege 1020
  5
            cttgtccccc ggtgtacgcc gagaccaagc acttcctcta ctcctcaggc gacaaggagc 1080
            agetgeggee etectteeta eteagetete tgaggeeeag eetgactgge geteggagge 1140
             tegtggagae catettetg ggtteeagge eetggatgee agggaeteee egeaggttge 1200
            congection charged tagger to the second transfer of the second trans
            acgegeagtg eccetaeggg gtgeteetea agacgeactg eccgetgega getgeggtea 1320
10
            ccccagcage eggtgtetgt gcccgggaga agccccaggg ctctgtggcg gcccccgagg 1380
            aggaggacac agacccccgt cgcctggtgc agctgctccg ccagcacagc agcccctggc 1440
            aggigtacgg cttcgtgcgg gcctgcctgc gccggctggt gcccccaggc ctctggggct 1500
             ccaggcacaa cgaacgccgc ttcctcagga acaccaagaa gttcatctcc ctggggaagc 1560
             atgccaaget ctegetgeag gagetgaegt ggaagatgag egtgegggae tgegettgge 1620
15
            tgcgcaggag cccaggggtt ggctgtgttc cggccgcaga gcaccgtctg cgtgaggaga 1680
             tcctggccaa gttcctgcac tggctgatga gtgtgtacgt cgtcgagctg ctcaggtctt 1740
            tettttatgt caeggagace aegttteaaa agaacagget etttteetae eggaagagtg 1800
            tctggagcaa gttgcaaagc attggaatca gacagcactt gaagagggtg cagctgcggg 1860
             agetgtegga ageagaggte aggeageate gggaageeag geeegeeetg etgaegteea 1920
20
            gactccgctt catccccaag cctgacgggc tgcggccgat tgtgaacatg gactacgtcg 1980
             tgggagccag aacgttccgc agagaaaaga gggccgagcg tctcacctcg agggtgaagg 2040
            cactgttcag cgtgctcaac tacgagcggg cgcggcgccc cggcctcctg ggcgcctctg 2100
            tgctgggcct ggacgatate cacagggcct ggcgcacett cgtgctgcgt gtgcgggccc 2160
             aggaccegee geetgagetg taetttgtea aggtggatgt gaegggegeg taegacacca 2220
25
             tcccccagga caggctcacg gaggtcatcg ccagcatcat caaaccccag aacacgtact 2280
            gegtgegteg gtatgeegtg gteeagaagg cegeecatgg geaegteege aaggeettea 2340
             agagecaegt etetacettg acagacetee agecgtacat gegacagtte gtggeteace 2400
             tgcaggagac cagcccgctg agggatgccg tcgtcatcga gcagagctcc tccctgaatg 2460
             aggecageag tggeetette gaegtettee taegetteat gtgecaceae geegtgegea 2520
30
             traggggraa gtrotacgto cagtgoragg ggatcorgea gggotorato ototoracgo 2580
             tgctctgcag cctgtgctac ggcgacatgg agaacaagct gtttgcgggg attcggcggg 2640
             acgggctgct cetgcgtttg gtggatgatt tettgttggt gacaceteac etcacecaeg 2700
             cgaaaacctt cctcaggacc ctggtccgag gtgtccctga gtatggctgc gtggtgaact 2760
             tgcggaagac agtggtgaac ttccctgtag aagacgaggc cctgggtggc acggcttttg 2820
35
             ttcagatgec ggcccacggc ctattcccct ggtgcggcct gctgctggat acccggaccc 2880
             tggaggtgca gagcgactac tccagctatg cccggacctc catcagagcc agtctcacct 2940
             tcaaccgcgg cttcaaggct gggaggaaca tgcgtcgcaa actctttggg gtcttgcggc 3000
             tgaagtgtca cagcctgttt ctggatttgc aggtgaacag cctccagacg gtgtgcacca 3060
             acatctacaa gatcctcctg ctgcaggcgt acaggtttca cgcatgtgtg ctgcagctcc 3120
40
             catttcatca gcaagtttgg aagaaccca catttttcct gcgcgtcatc tctgacacgg 3180
             cctccctctg ctactccatc ctgaaagcca agaacgcagg gatgtcgctg ggggccaagg 3240
             gegeegeegg ecetetgeee teegaggeeg tgeagtgget gtgecaceaa geatteetge 3300
             tcaagctgac tcgacaccgt gtcacctacg tgccactcct ggggtcactc aggacagccc 3360
             agacgcagct gagtcggaag ctcccgggga cgacgctgac tgccctggag gccgcagcca 3420
45
             acceggeact geocteagae tteaagaeca teetggaetg atggecaece geocaeagee 3480
             aggeogagag cagacaccag cageoctgte acgeoggget etacgteeca gggagggagg 3540
             ggcggcccac acccaggccc gcaccgctgg gagtctgagg cctgagtgag tgtttggccg 3600
             aggeetgeat greeggetga aggetgagtg teeggetgag geetgagega grigteeagee 3660
             aagggetgag tgteeageae acetgeegte tteaetteee cacaggetgg egeteggete 3720
50
             caccccaggg ccagcttttc ctcaccagga gcccggcttc cactccccac ataggaatag 3780
             tecateceea gattegeeat tgtteaeeee tegeeetgee eteetttgee ttecaeeeee 3840
             accatccagg tggagaccct gagaaggacc ctgggagctc tgggaatttg gagtgaccaa 3900
             aggtgtgccc tgtacacagg cgaggaccct gcacctggat gggggtccct gtgggtcaaa 3960
             ttggggggag gtgctgtggg agtaaaatac tgaatatatg agtttttcag ttttgaaaaa 4020
55
             aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
             <210> 3
             <211> 11276
             <212> DNA
60
             <213> Homo sapiens
             <400> 3
             actigagece aagagiteaa ggetaeggig agecaigati geaacaecae aegecageet 60
             tggtgacaga atgagaccet gteteaaaaa aaaaaaaaaa aattgaaata atataaagea 120
65
             tcttctctgg ccacagtgga acaaaaccag aaatcaacaa caagaggaat tttgaaaact 180
```

atacaaacac atgaaaatta aacaatatac ttctgaatga ccagtgagtc aatgaagaaa 240 ttaaaaaagga aattgaaaaa tttatttaag caaatgataa cggaaacata acctctcaaa 300 acccacggta tacagcaaaa gcagtgctaa gaaggaagtt tatagctata agcagctaca 360 tcaaaaaagt agaaaagcca ggcgcagtgg ctcatgcctg taatcccagc actttgggag 420 5 gccaaggcgg gcagatcgcc tgaggtcagg agttcgagac cagcctgacc aacacagaga 480 aaccttgtcg ctactaaaaa tacaaaatta gctgggcatg gtggcacatg cctgtaatcc 540 cagctactcg ggaggctgag gcaggataac cgcttgaacc caggaggtgg aggttgcggt 600 gageegggat tgegeeattg gaeteeagee tgggtaacaa gagtgaaace etgteteaag 660 aaaaaaaaaa aagtagaaaa acttaaaaat acaacctaat gatgcacctt aaagaactag 720 10 aaaagcaaga gcaaactaaa cctaaaattg gtaaaagaaa agaaataata aagatcagag 780 cagaaataaa tgaaactgaa agataacaat acaaaagatc aacaaaatta aaagttggtt 840 ttttgaaaag ataaacaaaa ttgacaaacc tttgcccaga ctaagaaaaa aggaaagaag 900 acctaaataa ataaagtcag agatgaaaaa agagacatta caactgatac cacagaaatt 960 caaaggatca ctagaggcta ctatgagcaa ctgtacacta ataaattgaa aaacctagaa 1020 15 aaaatagata aatteetaga tgeatacaae etaceaagat tgaaceatga agaaateeaa 1080 agoccaaaca gaccaataac aataatggga ttaaagccat aataaaagt ctcctagcaa 1140 agagaagccc aggacccaat ggcttccctg ctggatttta ccaatcattt aaagaagaat 1200 gaattccaat cctactcaaa ctattctgaa aaatagagga aagaatactt ccaaactcat 1260 tctacatggc cagtattacc ctgattccaa aaccagacaa aaacacatca aaaacaaaca 1320 20 aacaaaaaaa cagaaagaaa gaaaactaca ggccaatatc cctgatgaat actgatacaa 1380 aaatcctcaa caaaacacta gcaaaccaaa ttaaacaaca ccttcgaaag atcattcatt 1440 gtgatcaagt gggatttatt ccagggatgg aaggatggtt caacatatgc aaatcaatca 1500 atgtgataca tcatcccaac aaaatgaagt acaaaaacta tatgattatt tcactttatg 1560 cagaaaaagc atttgataaa attctgcacc cttcatgata aaaaccctca aaaaaccagg 1620 25 tatacaagaa acatacaggc caggcacagt ggctcacacc tgcgatccca gcactctggg 1680 aggecaaggt gggatgattg ettgggeeca ggagtttgag actageetgg geaacaaaat 1740 gagacctggt ctacaaaaaa cttttttaaa aaattagcca ggcatgatgg catatgcctg 1800 tagtcccagc tagtctggag gctgaggtgg gagaatcact taagcctagg aggtcgaggc 1860 tgcagtgage catgaacatg teactgtact ceagectaga caacagaaca agaccccact 1920 30 aggaggtgga ggagaagtgg aaggggaagg ggaagggaaa gaggaagaag aagaaacata 2040 tttcaacata ataaaagccc tatatgacag accgaggtag tattatgagg aaaaactgaa 2100 agecttteet ctaagatetg gaaaatgaca agggeeeact tteaceactg tgatteaaca 2160 tagtactaga agtcctagct agagcaatca gataagagaa agaaataaaa ggcatccaaa 2220 35 ctggaaagga agaagtcaaa ttatcctgtt tgcagatgat atgatcttat atctggaaaa 2280 gacttaagac accactaaaa aactattaga gctgaaattt ggtacagcag gatacaaaat 2340 caatgtacaa aaatcagtag tatttctata ttccaacagc aaacaatctg aaaaagaaac 2400 caaaaaagca gctacaaata aaattaaaca gctaggaatt aaccaaagaa gtgaaagatc 2460 tctacaatqa aaactataaa atgttgataa aagaaattga agagggcaca aaaaaagaaa 2520 40 agatattcca tgttcataga ttggaagaat aaatactgtt aaaatgtcca tactacccaa 2580 agcaatttac aaattcaatg caatccctat taaaatacta atgacgttct tcacagaaat 2640 agaagaaaca attctaagat ttgtacagaa ccacaaaaga cccagaatag ccaaaagctat 2700 cctgaccaaa aagaacaaaa ctggaagcat cacattacct gacttcaaat tatactacaa 2760 agctatagta acccaaacta catggtactg gcataaaaac agatgagaca tggaccagag 2820 45 gaacagaata gagaatccag aaacaaatcc atgcatctac agtgaactca tttttgacaa 2880 aggtgccaag aacatacttt ggggaaaaga taatctcttc aataaatggt gctggaggaa 2940 ctggatatcc atatgcaaaa taacaatact agaactctgt ctctcaccat atacaaaagc 3000 aaatcaaaat ggatgaaagg cttaaatcta aaacctcaaa ctttgcaact actaaaagaa 3060 aacaccggag aaactctcca ggacattgga gtgggcaaag acttcttgag taattccctg 3120 50 caggcacagg caaccaaagc aaaaacagac aaatgggatc atatcaagtt aaaaagcttc 3180 tgcccagcaa aggaaacaat caacaaagag aagagacaac ccacagaatg ggagaatata 3240 tttgcaaact attcatctaa caaggaatta ataaccagta tatataagga gctcaaacta 3300 ctctataaga aaaacaccta ataagctgat tttcaaaaaat aagcaaaaga tctgggtaga 3360 catttctcaa aataagtcat acaaatggca aacaggcatc tgaaaatgtg ctcaacacca 3420 55 ctgatcatca gagaaatgca aatcaaaact actatgagag atcatctcat cccagttaaa 3480 atggetttta tteaaaagae aggeaataae aaatgeeagt gaggatgtgg ataaaaggaa 3540 accettggae actgttggtg ggaatggaaa ttgetaceae tatggagaac agtttgaaag 3600 ttootcaaaa aactaaaaat aaagctacca tacagcaatc ccattgctag gtatatactc 3660 caaaaaaggg aatcagtgta tcaacaagct atctccactc ccacatttac tgcagcactg 3720 60 ttcatagcag ccaaggtttg gaagcaacct cagtgtccat caacagacga atggaaaaag 3780 aaaatgtggt gcacatacac aatggagtac tacgcagcca taaaaaagaa tgagatcctg 3840 tcagttgcaa cagcatgggg ggcactggtc agtatgttaa gtgaaataag ccaggcacag 3900 aaagacaaac ttttcatgtt ctcccttact tgtgggagca aaaattaaaa caattgacat 3960 agaaatagag gagaatggtg gttctagagg ggtgggggac agggtgacta gagtcaacaa 4020 65 taatttattg tatgttttaa aataactaaa agagtataat tgggttgttt gtaacacaaa 4080

```
gaaaggataa atgcttgaag gtgacagata ccccatttac cctgatgtga ttattacaca 4140
        ttgtatgcct gtatcaaaat atctcatgta tgctatagat ataaacccta ctatattaaa 4200
        aattaaaatt ttaatggcca ggcacggtgg ctcatgtccg taatcccagc actttgggag 4260
        gccgaggcgg gtggatcacc tgaggtcagg agtttgaaac cagtctggcc accatgatga 4320
 5
        aaccetgtet etaetaaaga taeaaaaatt ageeaggegt ggtggeacat acctgtagte 4380
        ccaactactc aggaggctga gacaggagaa ttgcttgaac ctgggaggcg gaggttgcag 4440
        tgagccgaga tcatgccact gcactgcagc ctgggtgaca gagcaagact ccatctcaaa 4500
        acaaaaacaa aaaaaagaag attaaaattg taatttttat gtaccgtata aatatatact 4560
        ctactatatt agaagttaaa aattaaaaca attataaaag gtaattaacc acttaatcta 4620
10
        aaataagaac aatgtatgtg gggtttctag cttctgaaga agtaaaagtt atggccacga 4680
        tggcagaaat gtgaggaggg aacagtggaa gttactgttg ttagacgctc atactctctg 4740
        taagtgactt aattttaacc aaagacaggc tgggagaagt taaagaggca ttctataagc 4800
        cctaaaacaa ctgctaataa tggtgaaagg taatctctat taattaccaa taattacaga 4860
        tatetetaaa ategagetge agaattggea egtetgatea cacegteete teatteaegg 4920
15
        tgcttttttt cttgtgtgct tggagatttt cgattgtgtg ttcgtgtttg gttaaactta 4980
        atctgtatga atcctgaaac gaaaaatggt ggtgatttcc tccagaagaa ttagagtacc 5040
        tggcaggaag caggtggctc tgtggacctg agccacttca atcttcaagg gtctctggcc 5100
        aagacccagg tgcaaggcag aggcctgatg acccgaggac aggaaagctc ggatgggaag 5160
        gggcgatgag aagcetgeet egttggtgag cagegeatga agtgeeetta tttaegettt 5220
20
        gcaaagattg ctctggatac catctggaaa aggcggccag cgggaatgca aggagtcaga 5280
        agenteetge teaaacccag gecageaget atggegeeca eeegggegtg tgecagaggg 5340
        agaggagtca aggcacctcg aagtatggct taaatctttt tttcacctga agcagtgacc 5400
        aaggtgtatt ctgagggaag cttgagttag gtgccttctt taaaacagaa agtcatggaa 5460
        gcaccettet caagggaaaa ccagacgee getetgeggt catttacete tttectetet 5520
25
        contettttg contegeggt ttotgatogg garagagtga concegtgga gettetonga 5580
        gcccgtgctg aggaccctct tgcaaagggc tccacagacc cccgccctgg agagaggagt 5640
        ctgagcctgg cttaataaca aactgggatg tggctggggg cggacagcga cggcgggatt 5700
        caaagactta attccatgag taaattcaac etttecacat eegaatggat ttggatttta 5760
        tottaatatt ttottaaatt toatcaaata acattoagga otgoagaaat ocaaaggogt 5820
30
        aaaacaggaa ctgagctatg tttgccaagg tccaaggact taataaccat gttcagaggg 5880
        atttttcgcc ctaagtactt tttattggtt ttcataaggt ggcttagggt gcaagggaaa 5940
        gtacacgagg agaggcctgg gcggcagggc tatgagcacg gcagggccac cggggagaga 6000
        gtccccqgcc tqqqaqqctg acagcaggac cactgaccgt cctccctggg agctgccaca 6060
        ttgggcaacg cgaaggcggc cacgctgcgt gtgactcagg accccatacc ggcttcctgg 6120
35
        geceaeceae aetaaeceag gaagteaegg agetetgaae eegtggaaae gaaeatgaee 6180
        cttgcctgcc tgcttccctg ggtgggtcaa gggtaatgaa gtggtgtgca ggaaatggcc 6240
        atgtaaatta cacgactetg etgatgggga eegtteette catcattatt catctteace 6300
        cccaaggact gaatgattcc agcaacttct tcgggtgtga caagccatga caaaactcag 6360
        tacaaacacc actetttac taggeecaca gageaeggse cacacceetg atatattaag 6420
40
        agtecaggag agatgagget gettteagee accaggetgg ggtgacaaca geggetgaac 6480
        agtotgttoc totagactag tagaccotgg caggoactoc cocagattot agggootggt 6540
        tgctgcttcc cgagggcgcc atctgccctg gagactcagc ctggggtgcc acactgaggc 6600
        cagecetgte tecacaceet eegeeteeag geeteagett etecageage tteetaaace 6660
        ctgggtgggc cgtgttccag cgctactgtc tcacctgtcc cactgtgtct tgtctcagcg 6.720
45
        acgtageteg caeggtteet ceteacatgg ggtgtetgte teetteecca acaeteacat 6780
        gegttgaagg gaggagatte tgegeeteec agactggete etetgageet gaacetgget 6840
        egtggeece gatgeaggtt cetggegtee ggetgeaege tgacetecat ttecaggege 6900
        teccegtete etgteatetg ceggggeetg ceggtgtgtt ettetgttte tgtgeteett 6960
        tccacqtcca gctgcgtgtg tctctgcccg ctagggtctc ggggttttta taggcatagg 7020
50
        acgggggcgt ggtgggccag ggcgctcttg ggaaatgcaa catttgggtg tgaaagtagg 7080
        agtgcctgtc ctcacctagg tccacgggca caggcctggg gatggagccc ccgccaggga 7140
        congenette tetgeccage actitection connected etggaacaca gagtigeagt 7200
        ttccacaagc actaagcatc ctcttcccaa aagacccagc attggcaccc ctggacattt 7260
        geoceacage cetgggaatt caegtgaeta egeacateat gtacacacte cegtecaega 7320
55
        ccgacccccg ctgttttatt ttaatagcta caaagcaggg aaatccctgc taaaatgtcc 7380
        tttaacaaac tggttaaaca aacgggtcca tccgcacggt ggacagttcc tcacagtgaa 7440
        gaggaacatg ccgtttataa agcctgcagg catctcaagg gaattacgct gagtcaaaac 7500
        tgccacctcc atgggatacg tacgcaacat gctcaaaaag aaagaatttc accccatggc 7560
        aggggagtgg ttagggggt taaggacggt gggggcggca gctgggggct actgcacgca 7620
60
        ccttttacta aagccagttt cctggttctg atggtattgg ctcagttatg ggagactaac 7680
        cataggggag tggggatggg ggaacccgga ggctgtgcca tctttgccat gcccgagtgt 7740
        cctgggcagg ataatgctct agagatgccc acgtcctgat tcccccaaac ctgtggacag 7800
        aacccgcccg gccccagggc ctttgcaggt gtgatctccg tgaggaccct gaggtctggg 7860
        atcetteggg actacetgea ggeeegaaaa gtaateeagg ggttetggga agaggeggge 7920
65
        aggagggtca gagggggca gcctcaggac gatggaggca gtcagtctga ggctgaaaag 7980
```

```
ggagggaggg cctcgagccc aggcctgcaa gcgcctccag aagctggaaa aagcggggaa 8040
        gggaccetec acggageetg cagcaggaag gcacggetgg ccettageec accagggeec 8100
        atcgtggacc tccggcctcc gtgccatagg agggcactcg cgctgccctt ctagcatgaa 8160
        gtgtgtgggg atttgcagaa gcaacaggaa acccatgcac tgtgaatcta ggattatttc 8220
 5
        aaaacaaagg tttacagaaa catccaagga cagggctgaa gtgcctccgg gcaagggcag 8280
        gttatgetet tgttgeeeag getggagtge ageggeatga tettggetea etgeaacete 8400
        cgtctcctgg gttcaagcaa ttctcgtgcc tcagcctccc aagtagctgg gatttcaggc 8460
        gtgcaccacc acaccegget aattttgtat ttttagtaga gatgggettt caccatgttg 8520
10
        gtcaagetga tetcaaaate etgaceteag gtgateegee caceteagee teccaaagtg 8580
        ctgggattac aggcatgagc cactgcacct ggcctattta accattttaa aacttccctg 8640
        ggctcaagtc acaccactg gtaaggagtt catggagttc aatttcccct ttactcagga 8700
        gttaccetce tttgatattt tetgtaatte ttegtagaet ggggatacae egtetettga 8760
        catattcaca gtttctgtga ccacctgtta tcccatggga cccactgcag gggcagctgg 8820
15
        gaggetgeag getteaggte ecagtggggt tgecatetge cagtagaaac etgatgtaga 8880
        atcagggcgc aagtgtggac actgtcctga atctcaatgt ctcagtgtgt gctgaaacat 8940
        gtagaaatta aagtecatee etectaetet aetgggattg ageceettee etateeecee 9000
        ccaggggcag aggagttcct ctcactcctg tggaggaagg aatgatactt tgttattttt 9060
        20
        ggtttcactc ttgttgctca ggctggaggg agtgcaatgg cgcgatcttg gcttactgca 9180
        geetetgeet eccaggitea agigatiete etgetteege eteccatitg geigggatia 9240
        caggcacccg ccaccatgcc cagctaattt tttgtatttt tagtagagac gggggtgggt 9300
        ggggttcacc atgttggcca ggctggtctc gaacttctga cctcagatga tccacctgcc 9360
        tetgeeteet aaagtgetgg gattacaggt gtgageeace atgeecaget cagaatttac 9420
25
        tctgtttaga aacatctggg tctgaggtag gaagctcacc ccactcaagt gttgtggtgt 9480
        tttaagccaa tgatagaatt tttttattgt tgttagaaca ctcttgatgt tttacactgt 9540
        gatgactaag acatcatcag cttttcaaag acacactaac tgcacccata atactggggt 9600
        gtcttctggg tatcagcaat cttcattgaa tgccgggagg cgtttcctcg ccatgcacat 9660
        ggtgttaatt actccagcat aatcttctgc ttccatttct tctcttccct cttttaaaat 9720
30
        tgtgttttct atgttggctt ctctgcagag aaccagtgta agctacaact taacttttgt 9780
        tggaacaaat tttccaaacc gcccctttgc cctagtggca gagacaattc acaaacacag 9840
        ccctttaaaa aggcttaggg atcactaagg ggatttctag aagagcgacc tgtaatccta 9900
        agtatttaca agacgagget aacetecage gagegtgaca geecagggag ggtgegagge 9960
        ctgttcaaat gctagctcca taaataaagc aatttcctcc ggcagtttct gaaagtagga 10020
35
        aaggttacat ttaaggttgc gtttgttagc atttcagtgt ttgccgacct cagctacagc 10080
        atccctgcaa ggcctcggga gacccagaag tttctcgccc ccttagatcc aaacttgagc 10140
        aacceggagt ctggattcct gggaagtcct cagctgtcct gcggttgtgc cggggcccca 10200
        ggtctggagg ggaccagtgg ccgtgtggct tctactgctg ggctggaagt cgggcctcct 10260
        agetetgeag teegaggett ggagecaggt geetggacee egaggetgee etecaceetg 10320
40
        tgcgggcggg atgtgaccag atgttggcct catctgccag acagagtgcc ggggcccagg 10380
        gtcaaggccg ttgtggctgg tgtgaggcgc ccggtgcgcg gccagcagga gcgcctggct 10440
        ccatttccca ccctttctcg acgggaccgc cccggtgggt gattaacaga tttggggtgg 10500
        tttgctcatg gtggggaccc ctcgccgcct gagaacctgc aaagagaaat gacgggcctg 10560
        tgtcaaggag cccaagtcgc ggggaagtgt tgcagggagg cactccggga ggtcccgcgt 10620
45
        gecegtecag ggageaatge gteetegggt tegteeceag eegegtetae gegeeteegt 10680
        ceteccette aegteeggea ttegtggtge eeggageeg aegeeeggeg teeggaeetg 10740
        gaggcagccc tgggtctccg gatcaggcca gcggccaaag ggtcgccgca cgcacctgtt 10800
        cccagggcct ccacatcatg gcccctccct cgggttaccc cacagcctag gccgattcga 10860
        cetetetecg etggggeett egetggegte eetgeaceet gggagegega geggegegeg 10920
50
        ggcggggaag cgcggcccag acccccgggt ccgcccggag cagctgcgct gtcggggcca 10980
        ggccgggctc ccagtggatt cgcgggcaca gacgcccagg accgcgctcc ccacgtggcg 11040
        gagggactgg ggacceggge acceptectg eccetteace treeagetee gesteeteeg 11100
        egeggacece geceegteee gaceceteee gggteeeegg eccageeeee teegggeeet 11160
        cccagccct cccttcctt tccgcggccc cgcctctcc tcgcggcgc agtttcaggc 11220
55
        agegetgegt cetgetgege aegtgggaag eeetggeece ggeeaeeece gegatg
        <210> 4
        <211> 104
        <212> DNA
60
        <213> Homo sapiens
        <400> 4
        gtgggcctcc ccggggtcgg cgtccggctg gggttgaggg cggccggggg gaaccagcga 60
        catgoggaga gcagogcagg cgactcaggg cgcttccccc gcag
65
```

```
<210> 5
        <211> 8616
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        <400> 5
        gtgaggaggt ggtggccgtc gagggcccag gccccagagc tgaatgcagt aggggctcag 60
        aaaagggggc aggcagagcc ctggtcctcc tgtctccatc gtcacgtggg cacacgtggc 120
        ttttcgctca ggacgtcgag tggacacggt gatctctgcc tctgctctcc ctcctgtcca 180
10
        gtttgcataa acttacgagg ttcaccttca cgttttgatg gacacgcggt ttccaggcgc 240
        egaggecaga geagtgaaca gaggaggetg ggegeggeag tggageeggg ttgeeggeaa 300
        tggggagaag tgtctggaag cacagacgct ctggcgaggg tgcctgcagg ttacctataa 360
        teetettege aattteaagg gtgggaatga gaggtgggga egagaaeeee etetteetgg 420
        gggtgggagg taagggtttt gcaggtgcac gtggtcagcc aatatgcagg tttgtgttta 480
15
        agatttaatt gtgtgttgac ggccaggtgc ggtggctcac gccggtaatc ccagcacttt 540
        gggaagetga ggeaggtgga teacetgagg teaggagttt gagaceagee tgaceaacat 600
        ggtgaaaccc tatctgtact aaaaatacaa aaattagctg ggcatggtgg tgtgtgcctg 660
        taatcccagc tacttgggag gctgaggcag gagaatcact tgaacccagg aggcggaggc 720
        tgcagtgagc tgagattgtg ccattgtact ccagcctggg cgacaagagt gaaactctgt 780
20
        ctttaaaaaa aaaaagtgtt cgttgattgt gccaggacag ggtagaggga gggagataag 840
        actgttctcc agcacagate ctggtcccat ctttaggtat gaagagggcc acatgggagc 900
        agaggacagc agatggctcc acctgctgag gaagggacag tgtttgtggg tgttcagggg 960
        atggtgctgc tgggccctgc cgtgtcccca ccctgttttt ctggatttga tgttgaggaa 1020
        cctccgctcc agcccccttt tggctcccag tgctcccagg ccctaccgtg gcagctagaa 1080
25
        gaagtcccga tttcaccccc tccccacaaa ctcccaagac atgtaagact tccggccatg 1140
        aaaagteata taacatgaga ttggcactee taacacegtt ttetgtgtae agtgcagaat 1260
        tgctaactcg gcggtgttta cagcaggttg cttgaaatgc tgcgtcttgc gtgactggaa 1320
        gtecetacee ategaacgge agetgeetea cacetgetge ggeteaggtg gaccacgecg 1380
30
        agteagataa gegteatgea acceagtttt getttttgtg etecagette ettegttgag 1440
        gagagtttga gttctctgat caggactctg cctgtcattg ctgttctctg acttcagatg 1500
        aggtcacaat ctgcccctgg cttatgcagg gagtgaggcg tggtccccgg gtgtccctgt 1560
        cacgtgcagg gtgagtgagg cgttgccccc aggtgtccct gtcacgtgta gggtgagtga 1620
        ggcgcggccc ccgggtgtcc ctgtcccgtg cagcgtgatt gaggtgtggc ccccgggtgt 1680
35
        ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcgcc atccccgggt gtccctgtca cgtgtagggt 1740
        gagtgaggeg tggtccccgg gtgtccctgt cccgtgcagg gtgagtgagg cactgtcccc 1800
        gggtgtccct gtcacgtgca gggtgagtga ggcgcggtcc ccgggtgtcc ctctcaggtg 1860
        tagggtgagt gaggcgcggc cccagggtgt ccctgtcacg tgtagggtga gtgaggcacc 1920
        greectgggt greecteeca ggratagggt gagrgaggea ergreecegg grgreectgt 1980
40
        cacgtgcagg gtgagtgagg cgcggccccc gggtgtccct ctcaggtgca gggtgagtga 2040
        ggcgctgtcc ctgggtgtcc ctgtctcgtg tagggtgagt gaggctctgt ccccaggtgt 2100
        cettggegtt tgeteacttg agettgetee tgaatgtttg etetttetat agecacaget 2160
        gegeeggtig cecatigeet gggtagatgg igeaggegea gigeiggiee ceaageetai 2220
        cttttctgat gctcggctct tcttggtcac ctctccgttc cattttgcta cggggacacg 2280
45
        ggactgcagg ctctcgcctc ccgcgtgcca ggcactgcag ccacagcttc aggtccgctt 2340
        geetetgttg ggeetggett geteaeeaeg tgeeegeeae atgeatgetg ceaataetee 2400
        teteccaget tgteteatge egaggetgga etetgggetg cetgtgtetg etgecaegtg 2460
        ttgctggaga catcccagaa agggttctct gtgccctgaa ggaaagcaag tcaccccagc 2520
        cccctcactt gtcctgtttt ctcccaagct gccctttgc ttggcccctt tgggtgggtg 2580
50
        geaacgettg teacettatt etgggeaeet geegeteatt gettaggetg ggetetgeet 2640
        ccagtegece ceteacatgg attgacgtee agecacaggt tggagtgtet etgtetgtet 2700
        cotgetotga gacccaegtg gagggeoggt gtetocgcca gccttegtea gacttecete 2760
        ttgggtctta gttttgaatt tcactgattt acctctgacg tttctatctc tccattgtat 2820
        55
        cctctaagtg ctgccttacc tgcaccctgt gttttgatgt gaagtaatct caacatcagc 2940
        cactttcaag tgttcttaaa atacttcaaa gtgttaatac ttcttttaag tattcttatt 3000
        ctgtgatttt tttctttgtg cacgctgtgt tttgacgtga aatcattttg atatcagtga 3060
        cttttaagta ttctttagct tattctgtga tttctttgag cagtgagtta tttgaacact 3120
        gtttatgttc aagatatgta gagtatcaag atacgtagag tattttaagt tatcatttta 3180
60
        ttattgattt ctaactcagt tgtgtagtgg tctgtataat accaattatt tgaagtttgc 3240
        ggagccttgc tttgtgatct agtgtgtgca tggtttccag aactgtccat tgtaaatttg 3300
        acateetgte aatagtggge atgeatgtte actatateea gettattaag gteeagtgea 3360
        aagettetgt eteettetag atgeatgaaa tteeaagaag gaggeeatag teeeteacet 3420
        gggggatggg tetgtteatt tettetegtt tggtageatt tatgtgagge attgttaggt 3480
65
        gcatgcacgt ggtagaattt ttatcttcct gatgagtgaa tcttttggag acttctatgt 3540
```

.ctctagtaat ctagtaattc tttttttaaa ttgctcttag tactgccaca ctgggcttct 3600 tttgattagt attttcctgc tgtgtctgtt ttctgccttt aatttatata tatatatat 3660 ttttttttt ttttgagaca gagtcttggt ctgtcgccca gggtgagtgc agtggtgtga 3720 tracaggica gigitaactit taccitrigg cotgagoogt cototcacci cagootootg 3780 5 agtagetgga aetgeagaea egeacegeta cacetggeta atttttaaat tttttetgga 3840 gacagggtet tgetgtgttg cecaggetgg teteaaaete ttggaeteaa gggatecate 3900 tacctegget teccaaagtg etgaattaca ggeatgagee accatgtetg geetaatttt 3960 caacactttt atattettat agtgtgggta tgteetgtta acageatgta ggtgaattte 4020 caatccagtc tgacagtcgt tgtttaactg gataacctga tttattttca tttttttgtc 4080 10 actagagace egeetggtge actetgatte tecaettgee tgttgeatgt cetegtteee 4140 tigittetea ceacetetig ggitgeeatg tgegitteet geegagigig tgitgateet 4200 ctcgttgcct cctggtcact gggcatttgc ttttatttct ctttgcttag tgttaccccc 4260 tgatettttt attgtegttg tttgettttg tttattgaga cagteteaet etgteaecea 4320 ggctggagtg taatggcaca atctcggctc actgcaacct ctgcctcctc ggttcaagca 4380 15 gttctcattc ctcaacctca tgagtagctg ggattacagg cgcccaccac cacgcctggc 4440 taatttttgt atttttagta gagatagget tteaceatgt tggecagget ggteteaaac 4500 tectgacete aagtgatetg ceegeettgg ceteceacag tgetgggatt acaggtgcaa 4560 gccaccgtgc ccggcatacc ttgatctttt aaaatgaagt ctgaaacatt gctacccttg 4620 tectgageaa taagaeeett agtgtatttt agetetggee acceccage etgtgtgetg 4680 20 ttttccctgc tgacttagtt ctatctcagg catcttgaca cccccacaag ctaagcatta 4740 ttaatattgt tttccgtgtt gagtgtttct gtagctttgc ccccgccctg cttttcctcc 4800 tttgttcccc gtctgtcttc tgtctcaggc ccgccgtctg gggtcccctt ccttgtcctt 4860 tgcgtggttc ttctgtcttg ttattgctgg taaaccccag ctttacctgt gctggcctcc 4920 atggcatcta gcgacgtccg gggacctctg cttatgatgc acagatgaag atgtggagac 4980 25 tcacgaggag ggcggtcatc ttggcccgtg agtgtctgga gcaccacgtg gccagcgttc 5040 cttagccagt gagtgacagc aacgtccgct cggcctgggt tcagcctgga aaaccccagg 5100 catgtegggg tetggtgget eegeggtgte gagtttgaaa tegegeaaac etgeggtgtg 5160 gegecagete tgaeggtget geetggeggg ggagtgtetg etteeteeet tetgettggg 5220 aaccaggaca aaggatgagg ctccgagccg ttgtcgccca acaggagcat gacgtgagcc 5280 30 atgtggataa ttttaaaatt tctaggctgg gcgcggtggc tcacgcctgt aatcccagca 5340 ctttgggagg ccaaggeggg tggatcacga ggtcaggagg tcgagaccat cctggccaac 5400 atgatgaaac eecatetgta etaaaaacae aaaaattage tgggegtggt ggegggtgee 5460 tgtaatccca gctactcggg aggctgaggc aggagaattg cttgaacctg ggagttggaa 5520 gttgcagtga gccgacattg caccactgca ctccagcctg gcaacacagc gagactctgt 5580 35 ctcaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aattctagta gccacattaa aaaagtaaaa 5640 aagaaaaggt gaaattaatg taataataga ttttactgaa gcccagcatg tccacacctc 5700 atcattttag ggtgttattg gtgggagcat cactcacagg acatttgaca ttttttgagc 5760 tttgtctgcg ggatcccgtg tgtaggtccc gtgcgtggcc atctcggcct ggacctgctg 5820 ggetteeeat ggecatgget gttgtaecag atggtgeagg teegggatga ggtegeeagg 5880 40 ccctcagtga gctggatgtg cagtgtccgg atggtgcacg tctgggatga ggtcgccagg 5940 ccctgctgtg agctggatgt gtggtgtctg gatggtgcag gtcaggggtg aggtctccag 6000 gccctcggtg agctggaggt atggagtccg gatgatgcag gtccggggtg aggtcgccag 6060 gccctgctgt gagctggatg tgtggtgtct ggatggtgca ggtcaggggt gaggtctcca 6120 ggccctcggt aagctggagg tatggagtcc ggatgatgca ggtccggggt gaggtcgcca 6180 45 ggccctgctg tgagctggat gtgtggtgtc tggatggtgc aggtctgggg tgaggtcacc 6240 aggeeetgeg gtgagetggg tgtgeggtgt etggatggtg caggtetgga gtgaggtege 6300 cagacggtgc cagaccatgc ggtgagctgg atatgcggtg tccggatggt gcaggtctgg 6360 ggtgaggttg ccaggccctg ctgtgagttg gatgtggggt gtccggatgc tgcaggtccg 6420 gtgtgaggtc accaggccct gctgtgagct ggatgtgtgg tgtctggatg gtgcaggtct 6480 50 ggggtgaagg tegeeaggee eetgettgtg agetggatgt gtggtgtetg gatggtgcag 6540 gtctggagtg aggtcgccag gccctcggtg agctggatgt gcagtgtcca gatggtgcag 6600 gtccggggtg aggtcgccag accctgcggt gagctggatg tgcggtgtct ggatggtgca 6660 ggtctggagt gaggtcgcca ggccctcggt gagctggatg tatggagtcc ggatggtgcc 6720 ggtccggggt gaggtcgcca gaccctgctg tgagctggat gtgcggtgtc tggatggtac 6780 55 aggtetggag tgaggtegee agaceetget gtgagetgga tatgeggtgt ceggatggtg 6840 caggtcaggg gtgaggtctc caggccctcg gtgagctgga ggtatggagt ccggatgatg 6900 caggtccggg gtgaggtcgc caggccctgc tgtgaactgg atgtgcggcg tctggatggt 6960 gcaggtctgg ggtgtggtcg ccaggccctc ggtgagctgg aggtatggag tccggatgat 7020 gcaggtccgg ggtgaggtcg ccaggccctg ctgtgagctg gatgtgcggc gtctggatgg 7080 60 tgcaggtctg gggtgtggtc gccaggccct cggtgagctg gaggtatgga gtccggatga 7140 tgcaggtccg gggtgaggtt gccaggccct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7200 gtgcagtccg gggtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgctg tatccggatg 7260 gtgcaggtet ggggtgaggt caccaggece tgcggtgage tggttgtgcg gtgtccggtt 7320 gctgcaggtc cggggtgagt tcgccaggcc ctcggtgagc tggatgtgcg gtgtccccgt 7380 65 gtccggatgg tgcaggtcca gggtgaggtc gctaggccct tggtgggctg gatgtgccgt 7440

```
gtccggatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggcctt tggtgagctg gatgtgcggt 7500
        gtotgcatgg tgcaggtotg gggtgaggto gccaggcoot tggtgggotg gatgtgtggt 7560
        gtccggatgg tgcaggtccg gcgtgaggtc gccaggccct gctgtgagct ggatgtgcgg 7620
        tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgaggt agccaaggcc ttcggtgagc tggatgtggg 7680
 5
        gtgtccggat ggtgcaggtc cggggtgagg tcgccaggcc ctgcggttag ctggatatgc 7740
        ggtgtccgga tggtgcaggt ccggggtgag gtcaccaggc cctgcggtta gctggatgtg 7800
        cggtgtctgg atggtgcagg tccggggtga ggtcgccagg ccctgctgtg agctggatgt 7860
        gctgtatccg gatggtgcag gtccggggtg aggtcgccag gccctgcagt gagctggatg 7920
        tgctgtatcc ggatggtgca ggtctggcgt gaggtcgcca ggccctgcgg ttagctggat 7980
10
        atgeggtgte ggatggtgca ggteeggggt gaggteacca ggeeetgegg ttagetggat 8040
        gtgeggtgte eggatggtge aggtetgggg tgaggtegee aggeeetget gtgagetgga 8100
        tgtgctgtat ccggatggtg caggtccggg gtgaggtcgc caggccctgc ggtgagctgg 8160
        atgtgctgta tccggatggt gcaggtctgg cgtgaggtcg ccaggccctg cggtgagctg 8220
        gatgtgcagt gtacggatgg tgcaggtccg gggtgaggtc gccaggccct gcggtgggct 8280
15
        gtatgtgtgt tgtctggatg gtgcaggtcc ggggtgagtt cgccaggccc tgcggtgagc 8340
        tggatgtgtg gtgtctggat gctgcaggtc cggggtgagt tcgccaggcc ctcggtgagc 8400
        tggatatgcg gtgtccccgt gtccgaatgg tgcaggtcca gggtgaggtc gccaggccct 8460
        tggtgggctg gatgtgccgt gtccggatgg tgcaggtctg gggtgaggtc gccaggccct 8520
        tggtgagetg gatgtgeggt gteeggatgg tgeaggteeg gggtgaggte accaggeeet 8580
20
        cggtgatctg gatgtggcat gtccttctcg tttaag
        <210> 6
        <211> 2089
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        <400> 6
        gtactgtatc cccacgccag gcctctgctt ctcgaagtcc tggaacacca gcccggcctc 60
        ageatgegee tgteteeact tgeetgtget teeetggetg tgeagetetg ggetgggage 120
30
        caggggcccc gtcacaggcc tggtccaagt ggattctgtg caaggctctg actgcctgga 180
        geteaegtte tettaettgt aaaateagga gtttgtgeea agtggtetet agggtttgta 240
        aagcagaagg gatttaaatt agatggaaac actaccacta gcctccttgc ctttccctgg 300
        gatgtgggtc tgattctctc tctcttttt ttttcttttt tgagatggag tctcactctg 360
        ttgcccaggc tggagtgcag tggcataatc ttggctcact gcaacctcca cctcctgggt 420
35
        ttaagcgatt caccagcctc agcctcctaa gtagctggga ttacaggcac ctgccaccac 480
        gcctggctaa tttttgtact tttaggagag acggggtttc accatgttgg ccaggctggt 540
        ctcgaactca tgacctcagg tgatccaccc accttggcct cccaaagtgc tgggtttaca 600
        ggctaagcca ccgtgcccag cccccgattc tcttttaatt catgctgttc tgtatgaatc 660
        ttcaatctat tggatttagg tcatgagagg ataaaatccc acccacttgg cgactcactg 720
40
        cagggagcac ctgtgcaggg agcacctggg gataggagag ttccaccatg agctaacttc 780
        taggtggctg catttgaatg gctgtgagat tttgtctgca atgttcggct gatgagagtg 840
        tgagattgtg acagattcaa gctggatttg catcagtgag ggacgggagc gctggtctgg 900
        gagatgccag cctggctgag cccaggccat ggtattagct tctccgtgtc ccgcccaggc 960
        tgactgtgga gggctttagt cagaagatca gggcttcccc agctcccctg cacactcgag 1020
45
        tecetggggg geettgtgae acceeatgee ceaaateagg atgtetgeag agggagetgg 1080
        gccatttcct tgcatctggg ggagggtcag ggctttccct gtgggaacaa gttaatacac 1200
        aatgcacctt acttagactt tacacgtatt taatggtgtg cgacccaaca tggtcatttg 1260
        accagtattt tggaaagaat ttaattgggg tgaccggaag gagcagacag acgtggtggt 1320
50
        ccccaagatg ctccttgtca ctactgggac tgttgttctg cctggggggc cttggaggcc 1380
        cetectecet ggacagggta cegtgeettt tetaetetge tgggeetgeg geetgeggte 1440
        agggcaccag ctccggagca cccgcggccc cagtgtccac ggagtgccag gctgtcagcc 1500
        acagatgccc aggtccaggt gtggccgctc cagcccccgt gcccccatgg gtggttttgg 1560
        gggaaaaggc caagggcaga ggtgtcagga gactggtggg ctcatgagag ctgattctgc 1620
55
        teettggetg agetgeeetg ageageetet eeegeeetet eeatetgaag ggatgtgget 1680
        ctttctacct gggggtcctg cctggggcca gccttgggct accccagtgg ctgtaccaga 1740
        gggacaggca tcctgtgtgg aggggcatgg gttcacgtgg ccccagatgc agcctgggac 1800
        caggetecet ggtgetgatg gtgggacagt caccetgggg gttgacegee ggactgggeg 1860
        tecceagggt tgactatagg accaggtgte caggtgeect geaagtagag gggeteteag 1920
60
        aggegtetgg etggeatggg tggaegtgge ecegggeatg geetteageg tgtgetgeeg 1980
        tgggtgccct gagccctcac tgagtcggtg ggggcttgtg gcttcccgtg agcttccccc 2040
        tagtctgttg tctggctgag caagcctcct gaggggctct ctattgcag
```

```
<210> 7
        <211> 687
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        <400> 7
        gtggctgtgc tttggtttaa cttccttttt aaacagaagt gcgtttgagc cccacatttg 60
        gtatcagett agatgaaggg ceeggaggag gggeeaeggg acaeageeag ggeeatggea 120
        cggcgccaac ccatttgtgc gcacagtgag gtggccgagg tgccggtgcc tccagaaaag 180
        cagcgtgggg gtgtaggggg agctcctggg gcagggacag gctctgagga ccacaagaag 240
10
        cageegggee agggeetgga tgeageaegg ceegaggtee tggateegtg teetgetgtg 300
        gtgcgcagcc tccgtgcgct tccgcttacg gggcccgggg accaggccac gactgccagg 360
        agcccaccgg gctctgagga tcctggacct tgccccacgg ctcctgcacc ccacccctgt 420
        ggctgcggtg gctgcggtga ccccgtcatc tgaggagagt gtggggtgag gtggacagag 480
        gtgtggcatg aggatcccgt gtgcaacaca catgcggcca ggaacccgtt tcaaacaggg 540
15.
        tctgaggaag ctgggagggg ttctaggtcc cgggtctggg tggctgggga cactggggag 600
        gggctgcttc tcccctgggt ccctatggtg gggtgggcac ttggccggat ccactttcct 660
        gactgtctcc catgctgtcc ccgccag
20
        <210> 8
        <211> 494
        <212> DNA
         <213> Homo sapiens
25
        <400> 8
        gtgggtgccg gggacccccg tgagcagccc tgctggacct tgggagtggc tgcctgattg 60
        gcacctcatg ttgggtggag gaggtactcc tgggtgggcc gcagggagtg caggtgaccc 120
        tgtcactgtt gaggacacac ctggcaccta gggtggaggc cttcagcctt tcctgcagca 180
        catggggccg actgtgcacc ctgactgccc gggctcctat tcccaaggag ggtcccactg 240
        gattccagtt tccgtcagag aaggaaccgc aacggctcag ccaccaggcc ccggtgcctt 300
30
        gcaccccagt cctgagccag gggtctcctg tcctgaggct cagagagggg acacagcccg 360
         ccctgccctt ggggtctgga gtggtggggg tcagagagag agtgggggac accgccaggc 420
        caggecetga gggcagaggt gatgtetgag tttetgegtg gecaetgtea gteteetege 480
         ctccactcac acag
35
         <210> 9
         <211> 865
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
40
         <400> 9
         gtaaggttca cgtgtgatag tcgtgtccag gatgtgtgtc tctgggatat gaatgtgtct 60
         agaatgcagt cgtgtctgtg atgcgtttct gtggtggagg tacttccatg atttacacat 120
         ctgtgatatg cgtgtgtggc acgtgtgtgt cgtggtgcat gtatctgtgg cgtgcatatt 180
         tgtggtgtgt gtgtgtggg cacgtgtgtg tccatggtgt gtgtgcctgt ggtgtgcatg 240
45
         tgtgtgtgtc tgtgacacgt gcatgttcat gctgtgtgct gcatgtctgt gatgtgccta 300
         tttgtggtgt gtgtgcat gtgtccgtga catatgcgtg tctatggcat gggtgtgtgt 360
         ggccccttgg ccttactcct tcctcctcca ggcatggtcc gcaccattgt cctcacgctc 420
         togggtgotg gtttggggag otocacatto agggtootca ottotagoat gggtgococt 480
         gtcctgtcac agggctgggc cttggagact gtaagccagg tttgagagga gagtagggat 540
50
         gctggtggta ccttcctgga cccctggcac cccaggacc ccagtctggc ctatgccggc 600
         tccatgagat ataggaaggc tgattcaggc ctcgctcccc gggacacact cctcccagag 660
         cggccggggg ccttggggct cggcaggggt gaaaggggcc ctgggcttgg gttcccaccc 720
         agtggtcatg agcacgctgg aggggtaagc cctcaaagtc gtgccaggcc ggggtgcaga 780
         ggtgaagaag tatccctgga gcttcggtct ggggagaggc acatgtggaa acccacaagg 840
 55
         acctettet etgaettett gaget
         <210> 10
         <211> 3782
 60
          <212> DNA
          <213> Homo sapiens
          <400> 10
          tgtgggattg gttttcatgt gtgggatagg tggggatctg tgggattggt ttttatgagt 60
          ggggtaacac agagttcaag gcgagctttc ttcctgtagt gggtctgcag gtgctccaac 120
 65
```

```
agetttattg aggagaceat atetteettt gaactatggt egggtttata gtaagteagg 180
        ggtgtggagg cctcccctgg gctccctgtt ctgtttcttc cactctgggg tcgtgtggtg 240
        cctgctgtgg tgtgtggccg gtgggcaggg cttccaggcc tccttgtgtt cattggcctg 300
        gatgtggccc tggctacgct ccgtccttgg aattcccctg cgagttggag gctttctttc 360
5
        tttctttttt tctttcttt ttttttttt tgataacaga gtctcgctct tttttgccca 420
        ggctggagtg gtttggcgtg atcttggctc actgcaacct gtgcttcctg agttcaagca 480
        attetettge etcageetee caagtagetg gaattatagg egeecaceae catgetgaet 540
        aatttttgta attttagtag agacgaggtt tctccatgtt ggccaggctg gtctcgaact 600
        cctgacctca ggtgatcctc ccacctcggc ctcccaaagt gctgggatga caggtgtgaa 660
        ccgccgcgcc cggccgagac tcgcttcctg cagcttccgt gagatctgca gcgatagctg 720
10
        cctgcagcct tggtgctgac aacctccgtt ttccttctcc aggtctcgct aggggtcttt 780
        ccatttcatg actotottca cagaagagtt tcacgtgtgc tgatttcccg gctgtttcct 840
        gcgtaattgg tgtctgctgt ttatcgatgg cctccttcca tttcctttag gctttgttta 900
        ttgttgtttt tccggctcct tgaaggaaaa gtttcgatta tggatgtttg aactttcttt 960
        tctaaacaag catctgaagt tgccgttttc cctctaaagc agggatcccg aggcccctgg 1020
15
        ctgtggagtg gcaccggtct ggggcctgtt aggaacccgg cgcacagcgg gaggctaggt 1080
        gcggtgctca gaggcgcaca caccctactg agaactgtgc gtgagagggg tctagattct 1200
        gtgctcctta tgggaatcta atgcctgatg atctgaggtg gaaccgtttg ctcccaaaac 1260
20
        catcocotto occaetgetg teetgtggaa aaategtett eeaegaaace agteeetggt 1320
        accacaatgg ttggggaccc tgtgctaaag acctgcttca gcagcctctc gtcagtgttg 1380
        atatattggc ttttctgtgt tgagtccaga ataattacgg atttctgtga tgctttccgc 1440
        cgacctcaga cccatgggct atttgtgggc gtgttgcctg ctcctgggtt gggaagggtg 1500
        caggececat gtacetteet gttactgeet tecaggttgg ttetcagggt tgaategtae 1560
25
        tcgatgtggt tttagcccac ggccctgccg ccagctcctg ggggctgggg aacatgctga 1620
        agcacagagt caccgtgcgc gtcttttgat gcctcacaag ctcgaggcct cctgtgtccg 1680
        tgttagtgtg tgtcacgtgc ctgctcacat cctgtcttgg ggacgcaggg gcttagcagg 1740
        tcccgtagta aatgacaagc gtcctggggg agtctgcaga ataggaggtg ggggtgccgg 1800
        tetetetece gegtetteag actettetee tgeetgtget gtggetgeae etgeatecet 1860
30
        gcaatccctc cagcactggg ctggagaggc ccgggagctc gagtgccact tgtgccacgt 1920
        gactgtggat ggcagtcggt cacgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggttgg 1980
        tcacaggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtggtgact 2040
        gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga 2100
        tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg 2160
35
        gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2220
        ggcggtcgtg gggtctgatg tggtgactgt ggatggcagt cgtggggtct gatgtgtggt 2280
        gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt 2340
        ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga ctgtggatgg 2400
        cggtcgtggg gtctgatgtg gtgactgtgg atggcggtcg tggggtctga tgtgtggtga 2460
        ctgtggatgg tgatcggtca caggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg 2520
40
        ggtctgatgt gtggtgactg tggatggtga tcggtcacag gggtctgatg tgtggtgact 2580
        gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcggttg gtcccggggg 2640
        totgatgtgt ggtgactgtg gatggcgatc ggtcacaggg gtctgatgtg tggtgactgt 2700
        ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg 2760
45
        tgtggtgact gtggatggcg gtcgtggggt ctgatgtggt gactgtggat ggcggtcgtg 2820
        gggtctgatg tggtgactgt ggatggcggt cgtggggtct gatgtgtggt gactgtggat 2880
        ggcggttggt cccgggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat 2940
        gtggtgactg tggatggcag tcgtggggtc tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt 3000
        ggggtctgat gtgtggtgac tgtggatggc ggtcgtgggg tctgatgtgt ggtgactgtg 3060
        gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gcggtcgtgg ggtctgatgt 3120
50
        ggtgactgtg gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg actgtggatg gtgatcggtc 3180
        acaggggtct gatgtgtggt gactgtggat ggcggtcgtg gggtctgatg tgtggtgact 3240
        grggarggcg grcgrgggr crgargrggr gacrgrggar ggcggrcgrg gggrcrgarg 3300
         tgtggtgact gtggatggcg gtcgtagggt ctgatgtgtg gtgactgtgg atggcagtcg 3360
         gtcacagggg tctgatgtgt ggtgactgtg gatggcggtc gtggggtctg atgtgtggtg 3420
55
         actgtggatg gcggtcgtgg ggtctgatgt gtggtgactg tggatggcgg tcgtggggtc 3480
         tgatgtgtgg tgactgtgga tggcggtcgt ggggtctgat gtggtgactg tggatggtga 3540
         tcggtcacag gggtctgatg tgtggtagct gcaggtggag tcccaggtgt gtctgtagct 3600
         actttgcgtc ctcggccccc cggcccccgt ttcccaaaca gaagetteee aggegetete 3660
60
         tgggcttcat cccgccatcg ggcttggccg caggtccaca cgtcctgatc ggaagaaaca 3720
         agtgcccagc tctggccggg gcaggccaca tttgtggctc atgccctctc ctctgccggc 3780
         ag
```

```
<210> 11
        <211> 980
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
 5
        <400> 11
        gtctgggcac tgccctgcag ggttgggcac ggactcccag cagtgggtcc tcccctgggc 60.
        aatcactggg ctcatgaccg gacagactgt tggccctggg gggcagtggg gggaatgagc 120
        tgtgatgggg gcatgatgag ctgtgtgcct tggcgaaatc tgagctgggc catgccaggc 180
10
        tgcgacaget getgeattea ggeacetget caegtttgae tgcgeggeet etetecagtt 240
        ccgcagtgcc tttgttcatg atttgctaaa tgtcttctct gccagttttg atcttgaggc 300
        caaaggaaag gtgtccccct cctttaggag ggcaggccat gtttgagccg tgtcctgccc 360
        agetggeece teagtgetgg gtetgaggee aaaggaaaeg tgteeceett ettaggagga 420
        cgggccgtgt ttgagccacg ccccgctgag cgggcctctc agtgctgggt ctgtccacgt 480
15
        ggccctgtgg ccctttgcag atgtggtctg tccacgtggc cctgtggctc tttgcagatg 540
        cctgttagca cttgctcggc tctaggggac agtcgtgtcc accgcatgag gctcagagac 600
        ctctgggcga atttccttgg ctcccagggt gggggtggag gtggcctggg ctgctgggac 660
        ccagaccetg tgcccggcag ctgggcagca actectggat cacatatgcc atccgggcca 720
        cggtgggctg tgtgggtgtg agcccagctg gacccacagg tggcccagag gagacgttct 780
20
        gtgtcacaca ctctgcctaa gcccatgtgt gtctgcagag actcggcccg gccagcccac 840
        gatggccctg cattccagcc cagccccgca cttcatcaca aacactgacc ccaaaaggga 900
        cggagggtct tggccacgtg gtcctgcctg tctcagcacc caccggctca ctcccatgtg 960
        tctcccgtct gctttcgcag
25 -
        <210> 12
        <211> 2485
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
30
        <400> 12
        gtgagtcagg tggccaggtg ccattgccct gcgggtggct gggcgggctg gcagggcttc 60
        tgctcacctc tctcctgccc cttccccact gnccttctgc ccggggccac cagagtctcc 120
        ttttctggcc cccgccccct ccggctcctg ggctgcaggc tcccgaggcc ccggaaacat 180
        ggctcggctt gcggcagccg gagcggagca ggtgccacac gaggcctgga aatggcaagc 240
35
        ggggtgtgga gttgctcctg cgtggaggac gaggggcggg gggtgtgtct gggtcaggtg 300
        tgegeegage gtttgageet geagettgte ageteeaagt tactaetgae getggaeaec 360
        cggctctcac acgcttgtat ctctctctcc cgatacaaaa ggattttatc cgattctcat 420
        tectgteect gregtgtgae ceeegegagg gegegggete ttetetetgt gaetagattt 480
        cccatctgga aagtgcgggg ttgaccgtgt agtttgctcc tctcgggggg cctgtggtgg 540
40
        ccatggggca ggcggcctgg gagagctgcc gtcacacagc cactgggtga gccacactca 600
        cggtggtaga gccacagtgc ctggtgccac atcacgtcct ctggatttta agtaaaacca 660
        cacacctccc ggcaggcatc tgcctgcgac cctgtgtgtg cctggggaga gtggtagcac 720
        ggaggaaatt cgtgcacact caaggtcatc agcaaggtca tccgcagtca ggtggaacgt 780
        ggaggcetet etetgggate gtetecageg gataaaggae tgtgcacage tteggaaget 840
45
        tttatttaaa aatataacta ttaattattg cattataagt aatcactaat ggtatcagca 900
        attataatat ttattaaagt ataattagaa atattaagta gtacacacgt tctggaaaaa 960
        cacaaattgc acatggcagc agagtgaatt ttggccgagg gacacgtgtg cacatgtgtg 1020
        taageggeee ceaggeeeae agaatteget gacaaagtea ceteeeeaga gaageeaeea 1080
        cgggcctcct tcgtggtcgt gaattttatt aagatggatc aagtcacgta ccgtccacgt 1140
50
        grggcagggc trrggggaat grgaggrgat gactgcgtcc tcatgccctg acagacagga 1200
        ggtgactgtg tctgtcctgt ccctaggaca cggacaggcc cgaagctcta gtccccatcg 1260
        tggtccagtt tggcctctga ataaaaacgt cttcaaaacc tgttgcccca aaaactaaga 1320
        acagagagag tttcccatcc catgtgctca caggggcgta tctgcttgcg ttgactcgct 1380
        gggctggccg gactcctaga gttggtgcgt gtgcttctgt gcaaaaagtg cagtcctctt 1440
55
        ttttttgaga cggaacgtca ctgttgtctg cctgggcttg agtgcagtgg cgcgatctca 1560
        acteactgea aceteegeet ecegggttee ageatttete etgeeteage etecegagea 1620
        gctgagatta caggcaccca ccccctgcgc ctggctaatt tttgtatttt tagtagagag 1680
        gggtttttgc catgttggcc aggctggtct cgaactcctg acctcaggtg atccacccac 1740
60
        ctcggcctcc caaagtgctg ggattacagg tgtgagccat cacgcccagc cggaaagcct 1800
        ctttttaagg tgaccaccta tagcgcttcc cgaaaataac aggtcttgtt tttgcagtag 1860
        gctgcaageg tctcttagca acaggagtgg cgtcctgtgg gctctgggga tggctgaggg 1920
        tegegtggea gecatgeett etgtgtgeae etttaggtte caeggggeta ttetgetete 1980
        actgtttgtc tgaaaacgca cccttggcat ccttgtttgg agagtttctg cttctcgttg 2040
65
        gtcatgctga aactaggggc aaggttgtat ccgttggcgc gcagcggcta catgtagggt 2100
```

ttag

13 - / 18

catgagtett teacegtgga caaatteett gaaaaaaaa aaaggagtee ggttaageat 2160 tcattccggg tcaagtgtct ggttctgtga ataaactcta agatttaaga aaccttaatg 2220 aaagaaaacc ttgatgattc agagcaagga tgtggtcaca cctgtggctg gatctgtttc 2280 agccgcccca gtgcatggtg agagtgggga gcagggattg tttgttcaga ggtctcatct 2340 5 ggtatgtttc tgaggtgttt gccggctgåa tggtagacgt gtcgtttgtg tgtatgaggt 2400 tetgtgtetg tgtgtggete ggtttgagtg tacgcatgte cageacatge cetgecegte 2460 totcacctgt gtottcccgc cccag <210> 13 10 <211> 1984 <212> DNA <213> Homo sapiens <400> 13 15 gtgaggcctc ctcttcccca ggggggcttg ggtgggggtt gatttgcttt tgatgcattc 60 agtgttaata ttcctggtgc tctggagacc atgactgctc tgtcttgagg aaccagacaa 120 ggttgcagcc ccttcttggt atgaagccgc acgggagggg ttgcacagcc tgaggactgc 180 gggctccacg caggctctgt ccageggcca tgtccagagg cctcagggct cagcaggcgg 240 gagggccgct gccctgcatg atgagcatgt gaattcaaca ccgaggaagc acaccagctt 300 20 ctgtcacgtc acccaggttc cgttagggtc cttggggaga tggggctggt gcagcctgag 360 geoceacate teccageagg ceetegacag gtggeetgga etgggegeet etteageeca 420 ttgcccatcc cacttgcatg gggtctacac ccaaggacgc acacacctaa atatcgtgcc 480 aacctaatgt ggttcaactc agctggettt tattgacagc agttactttt tttttttaa 540 tactttaagt tctagggtac atgtgcacga cgtgcaggtt agttacatat gtatacatgt 600 25 gocatgttgg tgtgctgcac ccattaactc atcatttaca ttaggtatat ctcctaatgc 660 tatecetece cactecece ateceatgae aggeeetggt gtgtgatgtt ecceaecetg 720 tgtccaagtg ttctcattgt tcagttccca cctgtgagtg agaacatgtg gtgtttggtt 780 ttctttcctt gcaatagttt gctcagagtg atggtttcca gcttcgtcca tgtccctaca 840 aaggacatga actcatcctt ttttatgact gcatagtatt ccgtggtgta tatgtgccac 900 30 attttcttaa tccagtctat catcgatgga catttgggtt ggttgcaagt ctttgctact 960 gtgaatagtg ccgcaataaa catacgtgtg catgtgtctt tatagcagca tgatttataa 1020 tcctttgggt atatacccag taatgggatg gctgggtcaa atggtatttc tagttctaga 1080 teettgagga ateaceacae tgtetteeac aatggttgaa etagtttaca eteecaceaa 1140 cagtgtaaaa gtgttctggt gctggagagg atgtggacag cagttatttt tttatgaaaa 1200 35 tagtatcact gaacaagcag acagttagtg aaggatgcgt caggaagcct gcaggccaca 1260 cagccatttc tctcgaagac tccgggtttt tcctgtgcat cttttgaaac tctagctcca 1320 attatagcat gtacagtgga tcaaggttct tcttcattaa ggttcaagtt ctagattgaa 1380 ataagtttat gtaacagaaa caaaaatttc ttgtacacac aacttgctct gggatttgga 1440 ggaaagtgtc ctcgagctgg cggcacactg gtcagccctc tgggacagga tacctctggc 1500 40 ccatggtcat ggggcgctgg gcttgggcct gagggtcaca cagtgcacca tgcccagctt 1560 cctgtggata ggatctgggt ctcggatcat gctgaggacc acagctgcca tgctggtaaa 1620 gggcaccacg tggctcagag ggggcgaggt tcccagcccc agctttctta ccgtcttcag 1680 ttatttttcc ctaagagtct gagaagtggg gccgcgcctg atggccttcg ttcgtcttca 1740 gctggcacag aattgcacaa gctgatggta aacactgagt acttataatg aatgaggaat 1800 45 tgctgtagca gttaactgta gagagctcgt ctgttggaaa gaaatttaag tttttcattt 1860 aaccgctttg gagaatgtta ctttatttat ggctgtgtaa attgtttgac attcagtccc 1920 togtagacag atactacgta aaaagtgtaa agttaacctt gotgtgtatt ttoccttatt 1980

gggattgtcc aatgtggtcc ccctcaaggg cgccccacag agccggtggg cttgttttaa 660

```
agtgcgattt gacgagggac gagaaacctt gaaagctgta aagggaaccc tcagaaaatg 720
        tggccgccag gggtggtttc aggtgctttg ctgggctgtg tttgtgaaaa cccatttgga 780
        cocgectee aagtecacce tecaggteea ecetecaggg cogecetggg etgggggtat 840
 5
        gcctggcgtt ccttgtgccg cagcccggag cacagcaggc tgtgcacatt taaatccact 900
        aagattcact cggggggagc ccaggtccca agcaactgag ggctcaggag tcctgaggct 960
        gctgagggga cagagcagac ggggaacgct gcttctgtgt ggcaagttcc tgagggtgct 1020
        ggccagggag gtggctcaga gtgtatgttg gggtcccacc gggggcagaa ctctgtctct 1080
        gatgagtcgg cagccatgta acaggaaggg gtggccacag ggagctggga atgcaccagg 1140
10
        ggagctgcgc agctggccga ggtcccaggg ccaggccaca ggaagggcag ggggacgccc 1200
        ggggccacag cagaggccgc aggaagggaa ggggatgccc aggccagagc agaggctacc 1260
        gggcacaggg gggctccctg agctgggtga gcgaggctca tgactcggcg agggaacctc 1320
        cttgacgtga agctgacgac tggtgttgcc cagctcacag cccagccagg tcccgcgcct 1380
        gagcaggaac tcagaaccct cccctttgtc taaagcacag cagatgcctt cagggcatct 1440
15
        aggagaaaac aggcaaagtc gttgagaaac gtcttaaaag aaggtgggat ggtggcaatt 1500
        tottgtccag attttagtct gccccggacc acagatgagt ctataacggg attgtggtgt 1560
        tgccatgggg acacatgaga tggaccatca cagaggccac tggggctgca cctcccatct 1620
        gagtectgge tgtecegggt ceaggecagg ttettgeatg etcacetace tgteetgeec 1680
        gggagacagg gaaagcaccc cgaagtctgg agcagggctg ggtccaggct cctcagagct 1740
20
        cctgccaggc ccagcaccct gctccaaatc accacttctc tggggttttc caaagcattt 1800
        aacaagggtg tcaggttacc tcctgggtga cggccccgca tcctggggct gacattgccc 1860
                                                                           1871
        ctctgcctta g
         <210> 15
25
         <211> 3801
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         <400> 15
30
        gtgagcgcac ctggccggaa gtggagcctg tgcccggctg gggcaggtgc tgctgcaggg 60
         cogttgogto cacctotgot toogtgtggg goaggogact gocaatocca aagggtcaga 120
        ggccacaggg tgcccctcgt cccatctggg gctgagcaga aatgcatctt tctgtgggag 180
         tgagggtget cacaacggga gcagttitet gtgctatttt ggtaaaagga aatggtgcac 240
         cagacetggg tgcactgagg tgtetteaga aageagtetg gateegaace caagaegeee 300
35
         gggccctgct gggcgtgagt ctctcaaacc cgaacacagg ggccctgctg ggcatgagtc 360
         cctctgaacc cgagaccctg gggccctgct gggcgtgagt ctctccgaac ccagagactt 420
         cagggccctt ttgggcgtga gtctctccgc tgtgagcccc acactccaag gctcatccac 480
         agtctacagg atgccatgag ttcatgatca cgtgtgaccc atcaggggac agggccatgg 540
         tgtggggggg gtctctacaa aattctgggg tcttgtttcc ccagagcccg agagctcaag 600
40
         gccccgtctc aggctcagac acaaatgaat tgaagatgga cacagatgca gaaatctgtg 660
         ctgtttcttt tatgaataaa aagtatcaac attccaggca gggcaaggtg gctcacacct 720
         ataatcccag cactttggga ggccgaggtg ggtggatcac ttgaggccag gagtttgagg 780
         ccaacctaac caacatagtg aaattccatt tctacttaaa aaatacaaaa attagcctgg 840
         cctggtggca cacgcctgta gtccccgcta tgcgggaggc tgaggcagga gaatcatttg 900
45
         aacccaggag gcagaggttg cagtgagccg agatcacacc actgcactcc agcctgggca 960
         acagagtgag acttcatctt aaaaaaaaaa aaaaaagtat cagcattcca aaaccatagt 1020
         ggacaggtgt ttttttattc tgtccttcga taatatttac tggtgctgtg ctagaggccg 1080
         gaactggggg tgccttcctc tgaaaggcac accttcatgg gaagagaaat aagtggtgaa 1140
         tggttgttaa accagaggtt taaactgggg tcctgtcgtt ctgagttaac agtccagatc 1200
```

```
gactggaagc aaataagttg tgtctttaca gcatatacca gagcagattc taggtagaag 2220
        aggtgaacgt tccctggttt ggtgttgggg aaggacacac agggaggcgg atgaaaccag 2340
        tgaggcaacg ggcattgctt tcactgcaga gaaactcagc ttgcctgagc cacagtgaaa 2400
5
        atggccattc cctggagcgt ttgtgcacgt gatttattta aggcgccctg tgaggtcctg 2460
        cacattcatc ctctcacttt gttctcctaa ccacctgaga ggtagaggag gaaaggctcc 2520
        aggggagcag ccgcccttgg tcacccagct ggcaaagggc atgcatgatt gcagcctggc 2580
        ctcctgctcc ggggcccttg ctctgcccga ggaccccaca caagtcagac ccataggctc 2640
        agggtgagcc ggagcccaag gtcgtgttgg ggatggctgt gaaagaagaa atggacgtct 2700
10
        gatgcacact tgggaaggtc ctaccagcag cgtcaaagaa atgcatgtga aactgacagc 2760
        gagacccatc cctcaaagaa acgcacgtga aactgatggc gagacctgtc cccatccctc 2820
        atgctggctc cttttctggg cttgccaaga gccagcatca ggttgaggca agctggaaag 2880
        acttttctgg aaagcagctt gtttgcatgg aagtcctcac aatgtcctgt gtcttcccag 2940
        taattccact totgaagtga coagacatta toacgggtot tatttaccat ttocagtgtt 3000
15
        ccaggcaggg ggacttgcca cagcaagtca cgaacctgcc caaatacagg gctaaggaga 3060
        tattatgcat cacaaaactt gctctgccat taaacatttt tcaaagaatt tttgaagaat 3120
        gtttaatggc acaaaacgtt tatttcaatg tagcagtgtt caaagctgga tgtaaaagaa 3180
        cacaccccag gagcctgccg tgaatgtcat gtgtgttcat ctttggacat ggacatacat 3240
        gggcagtgag tggtggtgag gccctggagg acatcggtgg gatgcctcca tcctgcccct 3300
20
        ctggagacac catgtgtgcc acgtgcactc actggagccc tgtttagctg gtgccacctg 3360
        getettecat ecetgagatt caaacacagt gagatteece aegeccaact cagtgttete 3420
        ccacaaaaaa cctgagtcac acctgtgttc actcgaggga cgcccgggag ccagggctcc 3480
        acagettate atgegetete ggetgageta tgegeagate teatcaggge agatgatgag 3540
        tgcacaaaca eggeegtgeg aggtttggat acaeteaaca teaetageea ggteetggtg 3600
        gagtttggtc atgcagagtc tggatggcat gtagcatttg gagtccatgg agtgagcacc 3660
25
        cagococoto gggotgcago gcatgcocoa ggcaggacaa ggaagcggga ggaaggcagg 3720
        aggetetttg gageaagett tgeaggaggg ggetgggtgt ggggeaggea cetgtgtetg 3780
                                                                         3801
        acattccccc ctgtgtctca g
30
        <210> 16
        <211> 880
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
35
        <400> 16
        gtgagcaggc tgatggtcag cacagagttc agagttcagg aggtgtgtgc gcaagtatgt 60
        gtgtgtgtgt gtgcgcgcgt gcctgcaagg ctgatggtga ctggctgcac gtaagagtgc 120
        acatgtacgc atatacacgt gagcacatac atgtgtgcat gtgtgtacat gaaggcatgg 180
        cagtgtgtgc acaggtgtgc aagggcacaa gtgtgtgcac atgcgaatgc acacctgaca 240
40
        tgcatgtgtg ttcgtgcaca gtcgtgtggg cattcacgtg aggtgcatgc gtgtgggtgt 300
        gcagtgtgag tagcatgtgt gcacataaca tgtattgagg ggtcctcgtg ttcaccccgc 360
        taggtcctca gcaccagtgc cactccttac aggatgagac ggggtcccag gccttggtgg 420
        gctgaggctc tgaagctgca gccctgaggg cattgtccca tctgggcatc cgcgtccact 480
        coctotoctg tgggottotg tgtocactoc coctotoctg tgggoattta catcoactoc 540
45
        actocototo tootgtgggo atcogogtoo actococoto totgtgggca totgogtoca 600
        cctcccctct ctgtgggcat ttgcgtccac tccctctcct ggttccttcc tgtcttggcc 660
        gagcctcggg ggcaggcaga tgacacagag tcttgactcg cccagggtgg ttcgcagctg 720
        ccgggtgagg gccaggccgg atttcactgg gaagagggat agtttcttgt caaaatgttc 780
        ctctttcttg ttccatctga atggatgata aagcaaaaag taaaaactta aaatcccaga 840
50
        gaggtttcta ccgtttctca ctctttcttg gcgactctag
        <210> 17
         <211> 3186
         <212> DNA
55
         <213> Homo sapiens
         <400> 17
         gtgagccgcc accaaggggt gcaggcccag cctccaggga ccctccgcgc tctgctcacc 60
         totgaccogg ggottcacot tggaactoot gggttttagg ggcaaggaat gtottacgtt 120
60
         ttcagtggtg ctgctgcctg tgcacagttc tgttcgcgtg gctctgtgca aagcacctgt 180
         totocatoto tgggtagtgg taggageogg tgtggeeeca ggtgteecea etgtgeetgt 240
         gcactggccg tgggacgtca tggaggccat cccagggcag caggggcatg gggtaaagag 300
         atgtttatgg ggagtcttag cagaggaggc tgggaaggtg tctgaacagt agatgggaga 360
         tcagatgccc ggaggatttg gggtctcagc aaagagggcc gaggtgggtg caggtgaggg 420
65
         tegetggece caceceggg aaggtgeage agagetgtgg etececacae ageceggeca 480
```

```
gcacctgtgc tctgggcatg gctgtgctcc tggaacgttc cctgtcctgg ctggtcaggg 540
       ggtgcccctg ccaagaatcg acaactttat cacagaggga agggccaatc tgtggaggcc 600
       acagggccag cttctgcctg gagtcagggc aggtggtggc acaagcctcg gggctgtacc 660
       aaagggcagt cgggcaccac aggcccgggc ctccacctca acaggcctcc cgagccactg 720
       ggagctgaat gccaggaggc cgaagccctc gccccatgag ggctgagaag gagtgtgagc 780
5
       atttgtgtta eccagggeeg aggetgegeg aattacegtg cacaettgat gtgaaatgag 840
       gtcgtcgtct atcgtggaaa cccagcaagg gctcacggga gagttttcca ttacaaggtc 900
       gtaccatgaa aatggttttt aacccgagtg cttgcgcctt catgctctgg cagggagggc 960
        agagccacag ctgcatgtta ccgcctttgc accagctcca gaggcttggg accaggctgt 1020
        ctcagttcca gggtgcgtcc ggctcagacc gccctcctct ctgccttctc tctctgcctc 1080
10
        aaatottooc togtttgoat otooctgaeg egtgootggg cootegtgca agotgottga 1140
        ctcctttccg gaaacccttg gggtgtgctg gatacaggtg ccactgagga ctggaggtgt 1200
        ctgacactgt ggttgacccc agggtccagc tggcgtgctt ggggcctcct tgggccatga 1260
        tgaggtcaga ggagttttcc caggtgaaaa ctcctgggaa actcccaggg ccatgtgacc 1320
        tgccacctgc tcctcccata ttcagctcag tcttgtcctc atttccccac cagggtctct 1380
15
        ageteegagg ageteeegta gagggeetgg geteagggea gggeggetga gttteeceac 1440
        ccatgtgggg acccttgggt agtcgcttga ttgggtagcc ctgaggaggc cgagatgcga 1500
        tgggccacgg gccgtttcca aacacagagt caggcacgtg gaaggcccag gaatcccctt 1560
        ccctcgaggc aggagtggga gaacggagag ctgggccccg atttcacggc agccaggctg 1620
        cagtgggcga ggctgtggtg gtccacgtgg cgctgggggc ggggtctgat tcaaatccgc 1680
20
        tggggctcgg ccttcctggc ccgtgctggc cgcgcctcca cacgggcttg gggtggacgc 1740
        cccgacctct agcaggtggc tatttctccc tttggaagag agcccctcac ccatgctagg 1800
        tgtttccctc ctgggtcagg agcgtggccg tgtggcaacc ccgggacctt aggcttattt 1860
        atttgtttaa aaacattotg ggootggott oogttgttgo taaatgggga aaagacatoo 1920
        cacctcagca gagttactga gaggctgaaa ccggggtgct ggcttgactg gtgtgatctc 1980
25
        aggicatice agaagigget caggaagica gigagaccag giacaigggg ggeleaggea 2040
        grgggrgaga rgaggracac ggggggcrca ggcagrgggr gaggccaggr acargggggg 2100
        ctcaggcact gggtgagatg aggtacacgg ggggctcagg cagagggtca gaccaggtac 2160
        acgggggctc tgatcacacg cacatatgag cacatgtgca catgtgctgt ttcatggtag 2220
        ccaggtctgt gcacacctgc cccaaagtcc caggaagctg agaggccaaa gatggaggct 2280
30
        gacagggctg gcgcggtggc tcacacctgt agtcccagca ctttgggagg ccgaggcgag 2340
        aggatecett gageceagga gtttaagace ageetgagea acatagtaga acceeatete 2400
        tatgaaaaat aaaaacaaaa attagctgaa catggtggtg tgcgcctgta gttccaatac 2460
        ttgggaggct gaagtgggag gatcacttga gcccaggagg tggaagctgc agtgagctga 2520
        gattgcacca ctgtactgca gcctgggtga cagagtgaga gcccatctca acaacaacaa 2580
35
        agaagactga caaatgcagt ttcttggaaa gaaacattta gtaggaactt aacctacaca 2640
        ccccagaccc agggtttatg caccacaggg gcgggtggct cagaagggat gcgcaggacg 2760
        ttgatatacg atgacatcaa ggttgtctga cgaagggcag gattcatgat aagtacctgc 2820
        tggtacacaa ggaacaatgg ataaactgga aaccttagag gccttcccgg aacaggggct 2880
40
        aatcagaagc cagcatgggg ggctggcatc caggatggag ctgcttcagc ctccacatgc 2940
        gtgttcatac agatggtgca cagaaacgca gtgtacctgt gcacacacag acacgcagct 3000
        actogoacac acaagcacac acacagacat goatgoatgo atcogtgtgt gtgcacctgt 3060
        gcccatgagg aaacccatgc atgtgcattc atgcacgcac acaggcaccg gtgggcccat 3120
        geocaeaece aegageaecg tetgattagg aggeetttee tetgaegetg teegeeatee 3180
45
                                                                          3186
         tctcag
         <210> 18
         <211> 781
 50
         <212> DNA
         <213> Homo sapiens
         <400> 18
         gtatgtgcag gtgcctggcc tcagtggcag cagtgcctgc ctgctggtgt tagtgtgtca 60
         ggagactgag tgaatctggg cttaggaagt tcttacccct tttcgcatca ggaagtggtt 120
 55
         taacccaacc actgtcaggc tcgtctgccc gccctctcgt ggggtgagca gagcacctga 180
         tggaagggac aggagetgte tgggagetge cateetteee acettgetet geetggggaa 240
         gcgctggggg gcctggtctc tcctgtttgc cccatggtgg gatttggggg gcctggcctc 300
         tcctgtttgc cctgtggtgg gattgggctg tctcccgtcc atggcactta gggcccttgt 360
         gcaaacccag gccaagggct taggaggagg ccaggcccag gctaccccac ccctctcagg 420
 60
         agcagaggee gegtateace acgacagage ecegegeegt cetetgette ecagteaceg 480
         tcctctgccc ctggacactt tgtccagcat cagggaggtt tctgatccgt ctgaaattca 540
         agccatgtcg aacctgcggt cctgagctta acagcttcta ctttctgttc tttctgtgtt 600
```

```
gtggaaattt cacctggaga agccgaagaa aacatttctg tcgtgactcc tgcggtgctt 660
       gggtcgggac agccagagat ggagccaccc cgcagaccgt cgggtgtggg cagctttccg 720
       gtgtctcctg ggaggggagc tgggctgggc ctgtgactcc tcagcctctg ttttccccca 780
5
        <210> 19
        <211> 536
        <212> DNA
        <213> Homo sapiens
10
        <400> 19
        gcaagtgtgg gtggaggcca gtgcgggccc cacctgccca ggggtcatcc ttgaacgccc 60
        tgtgtggggc gagcagcctc agatgctgct gaagtgcaga cgcccccggg cctgaccctg 120
        ggggcctgga gccacgctgg cagccctatg tgattaaacg ctggtgtccc caggccacgg 180
        agcctggcag ggtccccaac ttcttgaacc cctgcttccc atctcagggg cgatggctcc 240
15
        ccacgettgg gageettetg acceetgace tgtgteetet cacageetet teeetggetg 300
        ctgccctgag ctcctggggt cctgagcaag ttctctcccc gccccgccgc tccagcgtca 360
        ctgggctgcc tgtctgctcg ccccggtgga ggggtgtctg tcccttcact gaggttccca 420
        ccagccaggg ccacgaggtg caggccctgc ctgcccggcc acccacacgt cctaggaggg 480
        ttggaggatg ccacctctgg cetettetgg aacggagtet gattttggee eegcag
20
        <210> 20
        <211> 3179
        <212> DNA
25
        <213> Homo sapiens
        <400> 20
        atctcatgtt tgaatcctaa tgtgcactgc atagacacca ctgtatgcaa ttacagaagc 60
        ctgtgagtga acggggtggt ggtcagtgcg ggcccatggc ctggctgtgc atttacggaa 120
        gtctatgagt gaatggggtt gtggtcagtg cgggcccatg gcctggctgg gcctgggagg 180
30
        tttctgatgc tgtgaggcag gaggggaagg agggtagggg atagacagtg ggagccccca 240
        ccctggaaga cataacagta agtccaggcc cgaagggcag cagggatgct gggggcccag 300
        cttgggcggc ggggatgatg gagggcctgg ccagggtggc agggatgatg ggggccccag 360
        ctggggtggc aggggtgatg gggggggctg gtctgggtgg cggggaagat ggggaagcct 420
        ggctgggccc cctcctcccc tgcctcccac ctgcagccgt ggatccggat gtgcttccct 480
35
        ggtgcacatc ctctgggcca tcagctttca tggaggtggg gggcaggggc atgacaccat 540
        cctgtataaa atccaggatt cctcctcctg aacgccccaa ctcaggttga aagtcacatt 600
        ccgcctctgg ccattctctt aagagtagac caggattctg atctctgaag ggtgggtagg 660
        gtggggcagt ggagggtgtg gacacaggag gcttcagggt ggggctggtg atgctctctc 720
        atcetettat cateteccag teteatetet cateetetta teateteeca gteteatetg 780
40
        tottcctctt atctcccagt ctcatctgtc atcctcttac catctcccag tctcatctct 840
        tatectetta tetectagie teatecagae tiacetecca gggegggige caggetegea 900
        gtggagctgg acatacgtcc ttcctcaggc agaaggaact ggaaggattg cagagaacag 960
        gagggggggc tcagagggac gcagtcttgg ggtgaagaaa cagcccctcc tcagaagttg 1020
        gettgggeca cacgaaaccg agggeeetge gtgagtgget ccagageett ecageaggte 1080
45
        cctggtgggg ccttatggta tggccgggtc ctactgagtg caccttggac agggcttctg 1140
        gtttgagtgc agcccggacg tgcctggtgt cggggtgggg gcttatggcc actggatatg 1200
        gegteattta ttgetgetge tteagagaat gtetgagtga eegageetaa tgtgtatggt 1260
        gggcccaagt ccacagactg tgtcgtaaat gcactctggt gcctggagcc cccgtatagg 1320
50
         agctgtgagg aaggaggggc tettggcage eggeetgggg gegeetttge eetgeaaact 1380
        ggaagggagc ggccccgggc gccgtgggcg gacgacctca agtgagaggt tggacagaac 1440
        agggcgggga cttcccagga gcagaggccg ctgctcaggc acacctgggt ttgaatcaca 1500
        gaccaacagg tcaggccatt gttcagctat ccatcttcta caaagctcca gattcctgtt 1560
         totocgggtg tittitgttg aaattitact caggattact tatattittt gotaaagtat 1620
         tagaccetta aaaaaggtat ttgetttgat atggettaae teactaagea eetaetttat 1680
55
         ttgtctgttt ttatttatta ttattattat tattagagat ggtgtctact ctgtcaccca 1740
         ggttgttagt gcagtggcac agtcatggct cgctgtagcc gcaaaccccc aggctcaagt 1800
         gatecteegg ceteagette ecagagtget gggattaeag gtgtgageea etgeeettge 1860
         ctggcacttt taaaaaccac tatgtaaggt caggtccagt ggcttccaca cctgtcatcc 1920
         cagtagtttg ggaagccgag gcagaaggat tgtctgaggc caggagtttg agaccagcat 1980
 60
         gggtaacata gggagacccc atctctacaa aaaatgcaaa aagttatccg ggcgtggggt 2040
         ccagcatctg tagtcccagc tgctcgggag gctgagtggg aggatcgctt gagcccggga 2100
         ggtcatggct gcagtgagct gtgattgtac catcgcactc cagectgggc aacagagtga 2160
         65
```

| | taggtagact | gtcaaatctc | agagcaaaat | gaaaataaca | aagttttaaa | gggaaagaaa | 2340 |
|----|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------|
| | aaccccagct | ctttggactt | ccttaggcct | gaacttcatc | tcaagcagct | tccttccaca | 2400 |
| | gacaagcgtg | tatggagcga | gtgagttcaa | agcagaaagg | gaggagaagc | aggcaagggt | 2460 |
| | ggaggctgtg | ggtgacacca | gccaggaccc | ctgaaaggga | gtggttgttt | tcctgcctca | 2520 |
| 5 | gccccacgct | cctgccggtc | ctgcacctgc | tgtaaccgtc | gatgttggtg | ccaggtgccc | 2580 |
| | acctgggaag | gatgctgtgc | agggggcttg | ccaaactttg | gtgggtttca | gaagccccag | 2640 |
| | gcacttgtgg | caggcacaat | tacagcccct | ccccaaagat | gcccacgtcc | ttctcctgga | 2700 |
| | acctgtgaat | gtgtcacccg | caaggcagag | gctggtgaag | gctgcaggtg | gaatcacggc | 2760 |
| | tgccagtcag | ccgatcttaa | ggtcatcctg | gattatctgg | tgggcctgat | atggccacaa | 2820 |
| 10 | gggtccctag | aagtgagaga | gggaggcagg | ggagagtcag | agaggggacg | tgagaaggac | 2880 |
| | cactggccac | tgctggcttt | gagatggagg | agggggtccc | cagccaagga | atgggggcag | 2940 |
| | ccgctccatg | ctggaaaagc | aagcaatcct | ccccggtcct | gagggcacac | ggccctgccc | 3000 |
| | acgcctcgat | ttcaggccag | tgggacctgt | ttcagctttc | cggcctccag | agctgtaaga | 3060 |
| | tgatgcgttt | gtgttcagcc | actaagctgc | agtgattcgt | cacagcagca | aatggaatag | 3120 |
| 15 | cagtacaggg | aaatgaatac | agggacagtt | ctcagagtga | ctctcagccc | acccctggg | 3179 |